

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



RECEIVED

INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

29 2000

1600/2900

(51) Internationale Patentklassifikation 6 : C12N 9/00		A2	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 98/59040
			(43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 30. Dezember 1998 (30.12.98)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP98/03468		(81) Bestimmungsstaaten: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GE, GH, GM, GW, HU, ID, IL, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG).	
(22) Internationales Anmeldedatum: 9. Juni 1998 (09.06.98)		Veröffentlicht Ohne internationalen Recherchenbericht und erneut zu veröffentlichen nach Erhalt des Berichts.	
(30) Prioritätsdaten: 197 26 329.1 20. Juni 1997 (20.06.97) DE 198 13 274.3 26. März 1998 (26.03.98) DE 198 16 496.3 14. April 1998 (14.04.98) DE			
(71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BAYER AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; D-51368 Leverkusen (DE).			
(72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HAGEN, Gustav [DE/DE]; Walter-Flex-Strasse 32, D-51373 Leverkusen (DE). SIEGMUND, Hans-Ulrich [DE/DE]; Quettinger Strasse 167, D-51381 Leverkusen (DE). WEICHEL, Walter [DE/DE]; Dhünner Aue 15, D-51519 Odenthal (DE). WICK, Maresa [DE/DE]; Andreas-Gryphius-Strasse 26, D-51065 Köln (DE). ZUBOV, Dmitry [RU/DE]; Roggendorfstrasse 59, D-51061 Köln (DE).			
(74) Gemeinsamer Vertreter: BAYER AKTIENGESELLSCHAFT; D-51368 Leverkusen (DE).			
(54) Title: HUMAN CATALYTIC TELOMERASE SUB-UNIT AND ITS DIAGNOSTIC AND THERAPEUTIC USE			
(54) Bezeichnung: HUMANE KATALYTISCHE TELOMERASE-UNTEREINHEIT UND DEREN DIAGNOSTISCHE UND THERAPEUTISCHE VERWENDUNG			
(57) Abstract <p>The invention relates to the nucleotide sequence and the protein sequence derived therefrom, which encodes for the human catalytic telomerase sub-unit. The invention furthermore relates to methods involving a pharmaceutical, diagnostic or therapeutic use of this gene/protein, principally for treating cancer and ageing.</p>			
(57) Zusammenfassung <p>Diese Erfindung betrifft die Nukleotidsequenz und die davon abgeleitete Proteinsequenz, die für die humane katalytische Telomerase-Untereinheit codiert. Darüberhinaus betrifft diese Erfindung Methoden, die eine pharmazeutische, diagnostische oder therapeutische Verwendung von diesem Gen/Protein beinhaltet, vor allem in der Behandlung von Krebs und Alterung.</p>			

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberia	SG	Singapur		
EE	Estland						

Humane katalytische Telomerase-Untereinheit und deren diagnostische und therapeutische Verwendung

5 Aufbau und Funktion der Chromosomenenden

Das genetische Material eukaryontischer Zellen ist auf linearen Chromosomen verteilt. Die Enden der Erbanlagen werden, abgeleitet von den griechischen Wörtern *telos* (Ende) und *meros* (Teil, Segment), als Telomere bezeichnet. Die meisten Telomere bestehen aus
10 Wiederholungen von kurzen Sequenzen, die überwiegend aus Thymin und Guanin aufgebaut sind (Zakian, 1995). Die Telomersequenzen verwandter Organismen sind oft ähnlich und sogar zwischen phylogenetisch weiter entfernten Spezies konserviert. Bemerkenswert ist, daß in allen bislang untersuchten Wirbeltieren die Telomere aus der Sequenz TTAGGG aufgebaut werden (Meyne *et al.*, 1989).

15 Die Telomere üben verschiedene wichtige Funktionen aus. Sie verhindern die Fusion von Chromosomen (McClintock, 1941) und damit die Entstehung von dizentrischen Erbanlagen. Solche Chromosomen mit zwei Centromeren können durch Verlust der Heterozygotie bzw. Verdopplung oder Verlust von Genen zur Entwicklung von Krebs führen.

20 Desweiteren dienen Telomere dazu, intakte Erbanlagen von beschädigten zu unterscheiden. So stellten Hefezellen ihre Zellteilung ein, wenn sie ein Chromosom ohne Telomer enthielten (Sandell und Zakian, 1993).

25 Eine weitere wichtige Aufgabe erfüllen Telomere bei der DNA-Replikation eukaryontischer Zellen. Im Gegensatz zu den zirkulären Genomen von Prokaryonten können die linearen Chromosomen der Eukaryonten von dem DNA Polymerase-Komplex nicht vollständig repliziert werden. Zur Initiation der DNA-Replikation sind RNA-Primer notwendig. Nach Abspaltung der RNA-Primer, Verlängerung der Okazaki-Fragmente und anschließender
30 Ligation fehlt dem neu-synthetisierten DNA-Strang das 5'-Ende, denn dort kann der RNA-Primer nicht durch DNA ersetzt werden. Ohne besondere Schutzmechanismen würden daher die Chromosomen mit jeder Zellteilung schrumpfen ("end-replication problem";

Harley *et al.*, 1990). Die nicht-kodierenden Telomersequenzen stellen vermutlich eine Pufferzone dar, um dem Verlust von Genen vorzubeugen (Sandell und Zakian, 1993).

5 Darüberhinaus spielen Telomere auch eine wichtige Rolle bei der Regulation der zellulären Alterung (Olovnikov, 1973). Humane somatische Zellen zeigen in Kultur eine limitierte Replikationskapazität; sie werden nach einer gewissen Zeit seneszent. In diesem Zustand teilen sich die Zellen selbst nach Stimulierung mit Wachstumsfaktoren nicht mehr, sterben aber nicht, sondern bleiben metabolisch aktiv (Goldstein, 1990). Verschiedene Beobachtungen sprechen für die Hypothese, daß eine Zelle anhand der Länge ihrer
10 Telomere bestimmt, wie oft sie sich noch teilen kann (Allsopp *et al.*, 1992).

Zusammenfassend besitzen die Telomere somit zentrale Funktionen bei der Alterung von Zellen sowie der Stabilisierung des genetischen Materials und Verhinderung von Krebs.

15 Das Enzym Telomerase synthetisiert die Telomere

Wie oben beschrieben können Organismen mit linearen Chromosomen ohne einen speziellen Schutzmechanismus ihr Genom nur unvollständig replizieren. Die meisten Eukaryonten verwenden zur Regeneration der Telomersequenzen ein spezielles Enzym, die Telomerase.
20 In den bislang untersuchten Einzellern wird Telomerase konstitutiv expremiert. Dagegen wurde in Menschen die Telomerase-Aktivität nur in Keimzellen und Tumorzellen gemessen, wogegen benachbartes somatisches Gewebe keine Telomerase enthielt (Kim *et al.*, 1994).

Telomerase in Ciliaten

25

Die Telomerase wurde, wie auch die Telomere, zuerst im Ciliaten *Tetrahymena thermophila* identifiziert. Die Telomerase-Aktivität wurde durch Verlängerung des einzelsträngigen Oligonukleotides d(TTGGGG)₄ in Gegenwart von dTTP und dGTP nachgewiesen (Greider und Blackburn, 1985). Dabei wurde an den Primer wiederholt die
30 *Tetrahymena*-Telomersequenz TTGGGG angehängt. Selbst wenn als Ausgangsmaterial ein Oligonukleotid mit der unregelmäßigen Telomersequenz von *Saccharomyces cerevisiae*, T(G)₁₋₃, angeboten wurde, verlängerte die Telomerase den Primer mit der Telomersequenz

von *Tetrahymena* (Greider und Blackburn, 1985). Aus diesen Ergebnissen wurde geschlossen, daß die Telomerase selbst die Vorlage für die Sequenz der Telomere mit sich führt.

5 Nachdem zunächst die Existenz einer RNA-Komponente in der Telomerase nachgewiesen werden konnte (Greider und Blackburn, 1987), wurde kurze Zeit später das Gen für die RNA-Untereinheit der Telomerase kloniert (Greider und Blackburn, 1989). Diese RNA enthält eine Region mit dem Komplement zur Telomersequenz von *Tetrahymena* (nachfolgend "Komplement-Region" genannt). Die Telomerase-Aktivität war abhängig von
10 der RNA-Komponente, was durch Verdau der RNA mit nachfolgendem Verlust der Aktivität gezeigt werden konnte. Wurde die Telomerase-RNA in ihrer Komplement-Region mutiert, so wurden die entsprechenden Mutationen *in vivo* in die Telomere von *Tetrahymena* eingebaut (Yu *et al.*, 1990). Die Telomerase gehört demnach zur Klasse der RNA-abhängigen DNA-Polymerasen.

15 Die ersten Protein-Untereinheiten der *Tetrahymena*-Telomerase, p80 und p95, wurden 1995 identifiziert (Collins *et al.*, 1995). Die Beobachtung, daß p95 das Enzym an der DNA verankert und p80 die RNA-Komponente bindet, führte zu folgendem Modell: Die Telomerase-RNA lagert sich mit ihrer Komplement-Region an den einzelsträngigen 3'-
20 Überhang an. Die Verlängerung des 3'-Überhangs geschieht durch Einbau der entsprechenden Nukleotide in 5'-3'-Richtung. Die *de novo*-Synthese von Telomeren beinhaltet wahrscheinlich einen Elongations- und einen Translokationsschritt. Ist eine Telomersequenz synthetisiert worden, bewegt sich die Telomerase vermutlich an der DNA entlang, bis sie wieder in einer Position ist, um eine vollständige Telomersequenz
25 hinzuzufügen. Dieses Modell muß nicht allgemeingültig sein, denn zwischen Telomerasen unterschiedlicher Spezies bestehen große Unterschiede in der Anzahl der Nukleotide, die das Enzym addiert bevor es vom Telomer dissoziiert (Prowse *et al.*, 1993).

Darüberhinaus wurden kürzlich auch Telomerase-Untereinheiten anderer Organismen
30 identifiziert. In dem Ciliaten *Euplotes aediculatus* wurden zwei Protein-Untereinheiten, p123 und p43, gefunden, welche keine Homologie zu den *Tetrahymena*-Telomerase-Proteinen zeigen. Die Telomerase-Untereinheit p123 weist an ihrem N-Terminus eine

basische Domäne und am C-Terminus eine Domäne für eine Reverse Transkriptase (RT) auf, was auf eine katalytische Funktion dieses Proteins hindeutet (Lingner *et al.*, 1997). Darüberhinaus wurde eine signifikante Homologie von p123 zu dem von Lundblad gefundenen Protein Est2 aus *Saccharomyces cerevisiae* beschrieben (Lingner *et al.*, 1997).

5

Während für p80 und p95 bisher keine essentielle Funktion für die Telomeraseaktivität nachgewiesen wurde, konnte für die potentiellen katalytischen Untereinheiten der Telomerase p123/est2p eindeutig eine Schlüsselfunktion aufgezeigt werden: Eine Mutation des RT-Aktivitätszentrums von est2p führte zu einer signifikanten Verkürzung der Telomere in Hefezellen (Lingner *et al.*, 1997).

10

Telomerase-Komponenten aus Säugerzellen

Inzwischen wurden die RNA-Komponenten der Telomerasen von verschiedenen Organismen, unter anderem von *Saccharomyces cerevisiae*, Mäusen und Menschen (Singer und Gottschling, 1994; Blasco *et al.*, 1996; Feng *et al.*, 1995), kloniert. Alle bislang bekannten Telomerase-RNAs enthalten eine Region, die komplementär zu der Telomersequenz des jeweiligen Organismus ist. Die Primärsequenz der humanen Telomerase-RNA (hTR) weist jedoch keine Ähnlichkeiten mit den RNA-Komponenten der Ciliaten oder *Saccharomyces cerevisiae* auf. Dagegen existieren konservierte Bereiche zwischen der humanen und der murinen Telomerase-RNA (Feng *et al.*, 1995).

15

20

Vor kurzem wurde die Isolation eines humanen Telomerase-assoziiertes Proteins (hTP1) beschrieben (Harrington *et al.*, 1997). Das korrespondierende Gen wurde aufgrund seiner Homologie zu der *Tetrahymena* Telomerase Untereinheit p80 in einer nicht der Allgemeinheit zugänglichen EST Datenbank gefunden (Harrington *et al.*, 1997). hTP1 ist aus 2627 Aminosäuren zusammengesetzt und zeigt im N-Terminus drei Domänen, welche maximal zu 46% homolog zu p80 sind. Als weiteres Strukturelement konnten im C-terminalen Bereich 16 Wiederholungen aus den Aminosäuren Tryptophan und Asparagin aufgezeigt werden, die vermutlich eine Protein-Protein Interaktion vermitteln.

25

30

Aktivierung der Telomerase in menschlichen Tumoren

Eine Aktivität der Telomerase konnte in Menschen ursprünglich nur in Keimbahnzellen, nicht aber in normalen somatischen Zellen (Hastie *et al.*, 1990; Kim *et al.*, 1994) nachgewiesen werden. Nach der Entwicklung eines sensitiveren Nachweisverfahrens (Kim *et al.*, 1994) wurde auch in hematopoietischen Zellen eine geringe Telomeraseaktivität detektiert (Broccoli *et al.*, 1995; Counter *et al.*, 1995; Hiyama *et al.*, 1995). Allerdings wiesen diese Zellen trotzdem eine Reduktion der Telomere auf (Vaziri *et al.*, 1994; Counter *et al.*, 1995). Noch ist nicht geklärt, ob die Menge an Enzym in diesen Zellen nicht ausreichend für eine Kompensation des Telomerverlustes ist, oder ob die gemessene Telomerase-Aktivität von einer Subpopulation, z.B. unvollständig ausdifferenzierten CD34⁺38⁺-Vorläuferzellen, herrührt (Hiyama *et al.*, 1995). Zur Klärung wäre ein Nachweis der Telomerase-Aktivität in einer einzelnen Zelle nötig.

Interessanterweise wurde jedoch in einer großen Zahl der bislang getesteten Tumorgewebe eine signifikante Telomerase-Aktivität nachgewiesen (1734/2031, 85%; Shay, 1997), während in normalem somatischem Gewebe keine Aktivität gefunden wurde (1/196, <1%, Shay, 1997). Verschiedene Untersuchungen zeigten außerdem, daß in seneszenten Zellen, die mit viralen Oncoproteinen transformiert wurden, die Telomere weiterhin schrumpften und Telomerase nur in der Subpopulation entdeckt werden konnte, die die Wachstumskrise überlebte (Counter *et al.*, 1992). In diesen immortalisierten Zellen waren auch die Telomere stabil (Counter *et al.*, 1992). Ähnliche Befunde aus Untersuchungen an Mäusen (Blasco *et al.*, 1996) stützen die Annahme, daß eine Reaktivierung der Telomerase ein spätes Ereignis in der Tumorgenese ist.

Basierend auf diesen Ergebnissen wurde eine "Telomerase-Hypothese" entwickelt, die den Verlust von Telomerasequenzen und Zellalterung mit der Aktivität von Telomerase und der Entstehung von Krebs verbindet. In langlebigen Spezies wie dem Menschen kann das Schrumpfen der Telomere als ein Mechanismus zur Tumorsuppression angesehen werden. Ausdifferenzierte Zellen, die keine Telomerase enthalten, stellen bei einer bestimmten Länge der Telomere ihre Zellteilung ein. Mutiert eine solche Zelle, so kann aus ihr nur dann ein Tumor entstehen, wenn die Zelle ihre Telomere verlängern kann. Ansonsten würde die Zelle

weiterhin Telomersequenzen verlieren, bis ihre Chromsomen instabil werden und sie schließlich zugrunde geht. Die Reaktivierung der Telomerase ist vermutlich der Hauptmechanismus von Tumorzellen zur Stabilisation ihrer Telomere.

- 5 Aus diesen Beobachtungen und Überlegungen ergibt sich, daß eine Inhibition der Telomerase eine Therapie von Tumoren erlauben sollte. Konventionelle Krebstherapien mit Zytostatika oder kurzweiligen Strahlen schädigen nicht nur die Tumorzellen, sondern alle sich teilenden Zellen des Körpers. Da aber außer Tumorzellen nur Keimbahnzellen eine signifikante Telomerase-Aktivität enthalten, würden Telomerase-Inhibitoren spezifischer die
- 10 Tumorzellen angreifen und somit weniger unerwünschte Nebenwirkungen hervorrufen. In allen bislang getesteten Tumorgeweben wurde eine Telomerase-Aktivität nachgewiesen, so daß diese Therapeutika gegen alle Krebsarten eingesetzt werden könnten. Die Wirkung von Telomerase-Inhibitoren würde dann eintreten, wenn die Telomere der Zellen sich soweit verkürzt haben, daß das Genom instabil wird. Da Tumorzellen meist kürzere Telomere
- 15 aufweisen als normale somatische Zellen, würden zuerst Krebszellen durch Telomerase-Inhibitoren eliminiert werden. Zellen mit langen Telomeren, wie die Keimzellen, würden dagegen erst viel später geschädigt werden. Telomerase-Inhibitoren stellen somit einen zukunftsweisenden Weg für die Therapierung von Krebs dar.
- 20 Eindeutige Antworten auf die Frage nach der Art und den Angriffspunkten physiologischer Telomerase-Inhibitoren werden aber erst möglich sein, wenn auch die Proteinstrukturen des Enzyms mit ihren Funktionen identifiziert und die Erkenntnisse über verschiedene Telomer-bindende Proteine vertieft sind.
- 25 Die Erfindung betrifft die katalytisch aktive humane Telomerase-Untereinheit (phTC) gegebenenfalls in aufgereinigter Form, aktive Teile des Proteins, Modulatoren, insbesondere Agonisten des Proteins, die Funktion des Proteins imitierende Substanzen sowie Kombinationen aus diesen Komponenten.

Die Erfindung betrifft weiterhin:

- Die Nucleinsäuresequenz, die für das humane Protein phTC kodiert, im einzelnen:
 - 5 - die genomische Sequenz des hTC-Gens,
 - die cDNA-Sequenz des hTC-Gens ,
 - die DNA-Sequenz von hTC-Varianten
 - die Sequenz der mRNA, die vom hTC Gen transkribiert wird,
 - Teile aus den oben genannten Sequenzen, darunter die in der Fig. 1 gezeigte
 - 10 DNA Sequenz (SEQ ID No. 1) von hTC.

- Die Nucleinsäuresequenzen, die in anderen Säugern für dem hTC homologe Proteine kodieren, im einzelnen:
 - 15 - die genomischen Sequenzen hTC-homologer Gene,
 - die cDNA-Sequenzen hTC-homologer Gene,
 - die Sequenzen der mRNAs, die von hTC-homologen Genen transkribiert werden,
 - Teile aus den oben genannten Sequenzen.
 - 20

- Nucleinsäuresequenzen, die für dem Protein phTC verwandte Proteine im Menschen und anderen Säugern kodieren, im einzelnen:
 - die genomischen Sequenzen hTC-verwandter Gene in Mensch und anderen
 - 25 Säugern,
 - die cDNA-Sequenzen hTC-verwandter Gene in Mensch und anderen Säugern,
 - die Sequenzen der mRNAs, die von hTC-verwandten Genen transkribiert werden in Mensch und anderen Säugern,
 - 30 - Teile aus den oben genannten Sequenzen.

- Oligonukleotide in aufgereinigter Form mit einer Sequenz, die identisch oder exakt komplementär ist zu einer 10 bis 500 Nukleotide langen, zusammenhängenden Sequenz der oben beschriebenen genomischen DNA, cDNA oder mRNA.

5 Ein solches Oligonukleotid kann insbesondere ein Oligodesoxyribonucleotid oder ein Oligoribonucleotid oder eine Peptidnukleotidsäure (PNA) sein

Bevorzugt sind Oligonukleotide, welche die Aktivität der Telomerase inhibieren, reprimieren oder blockieren, wenn sie an die hTC mRNA binden.

10

- Eine DNA Sequenz oder eine degenerierte Variation dieser Sequenz, die das Protein phTC oder ein Fragment dieses Proteins kodiert, gegebenenfalls enthaltend die DNA Sequenz aus Abbildung 1, oder DNA Sequenz, die mit der vorgehend aufgeführten DNA Sequenz unter Standard-Hybridisierungsbedingungen hybridisiert.

15

- Ein rekombinantes DNA Molekül, das eine DNA Sequenz oder eine degenerierte Variation dieser Sequenz beinhaltet, die phTC oder ein Fragment von phTC kodiert, wobei letztere Sequenz bevorzugt die DNA Sequenz aus Abbildung 1 enthält, oder das eine solche DNA Sequenz beinhaltet, die mit der vorgehend aufgeführten DNA Sequenz unter Standard-Hybridisierungsbedingungen hybridisiert.

20

Bevorzugt ist in dem oben genannten rekombinanten DNA Molekül die beschriebene DNA mit einer Expressions-Kontrollsequenz verbunden.

25

Besonders bevorzugt als Expressions-Kontrollsequenz sind z.B. der frühe oder späte Promotor des SV40- oder Adenovirus, das lac System, das trp System, das TAC System, das TRC System, die Haupt-Operator- und Promotorregionen des Phagen λ , die Kontrollregionen des fd Hüllproteins, der Promotor der 3-Phosphoglycerat Kinase, der Promotor der Sauren Phosphatase und der Promotor des α -Mating Faktors der Hefe.

30

- 5 - Einen einzelligen Wirt, der mit einem oben beschriebenen rekombinanten DNA Molekül transformiert wurde, das die DNA Sequenz oder eine degenerierte Variante dieser Sequenz enthält, die für das phTC Protein oder einen Teil dieses Protein kodiert. In diesem rekombinanten DNA-Molekül ist die besagte DNA Sequenz mit einer Expressions-Kontrollsequenz verknüpft.

10 Bevorzugte Beispiele für den einzelligen Wirt sind: *E. coli*, *Pseudomonas*, *Bacillus*, *Streptomyces*, yeasts, CHO, R1.1, B-W, L-M, COS 1, COS 7, BSC1, BSC40 und BMT10 Zellen, Pflanzenzellen, Insektenzellen und Säugerzellen in Zellkultur.

- 15 - Einen rekombinanten Virus, der mit einem der vorstehend beschriebenen DNA Moleküle oder einem Derivat oder Fragment dieses Moleküls transformiert wird.
- 20 - Eine Methode zur Inhibition der Telomeraseaktivität in humanen Zellen, bevorzugt neoplastische Zellen, bei der ein exogenes Polynukleotid in die Zellen transferiert wird, das aus einer Transkriptionseinheit besteht. Diese Transkriptionseinheit beinhaltet eine Polynukleotidsequenz aus mindestens 29 aufeinanderfolgenden Nukleotiden, die substantiell identisch oder substantiell komplementär zur hTC RNA Sequenz ist und die mit einer heterologen Transkriptions-regulatorischen Sequenz verknüpft ist, die die Transkription des verknüpften Polynukleotids in besagten Zellen steuert.

25 Bevorzugt enthält die oben genannte heterologe Transkriptions-regulatorische Sequenz einen Promotor, der in humanen Zellen konstitutiv aktiv ist.

30 Alternativ kann die heterologe Transkriptions-regulatorische Sequenz einen Promotor enthalten, der in humanen Zellen durch Zugabe einer regulatorischen Substanz induziert oder reprimiert werden kann. Dazu zählen beispielsweise induzierbare und reprimierbare Tetrazyklin-abhängige Promotoren, Heatshock-Promotoren, Metallionen-abhängige Promotoren.

Das obengenannte exogene Polynukleotid kann beispielsweise ein virales Genom mit einer Transkriptionseinheit aus der humanen hTC DNA-Komponente sein.

5 Besonders bevorzugt produziert die besagte Transkriptionseinheit antisense RNA, die substantiell komplementär zur humanen hTC RNA-Komponente ist.

Weiterhin besonders bevorzugt kann das exogene Polynukleotid die Sequenz aus Abb. 1 enthalten.

10 - Ein Polynukleotid für die Gentherapie einer menschlichen Krankheit. Dieses Polynukleotid besteht aus einer Transkriptionseinheit, die eine Polynukleotidsequenz aus mindestens 9 aufeinanderfolgenden Nukleotiden enthält, die substantiell identisch oder substantiell komplementär zur hTC RNA Sequenz ist und die mit einer heterologen Transkriptions-regulatorischen Sequenz verknüpft ist, die die
15 Transkription des verknüpften Polynukleotids in besagten Zellen steuert.

- Eine Methode zur Detektion Telomerase-assoziiierter Zustände in einem Patienten, die folgende Schritte umfaßt:

- 20 A. Detektion des phTC Proteins in Körperflüssigkeiten oder zellulären Proben, um einen diagnostischen Wert zu erhalten;
- B. Vergleich des diagnostischen Werts mit Standardwerten für das phTC Protein in standardisierten normalen Zellen oder Körperflüssigkeiten des gleichen Typs wie die Testprobe;
- 25 C. Detektion diagnostischer Werte, die höher oder niedriger als Standardvergleichswerte liegen, indizieren einen Telomerase-assoziierten Zustand, der wiederum einen pathogenen Zustand indiziert.

 Bevorzugt wird diese Methode eingesetzt zur Detektion einer neoplastischen
30 Erkrankung eines Patienten. Die Methode umfaßt dann folgende Schritte:

- A. Detektion des phTC Proteins in zellulären Proben, um einen diagnostischen Wert zu erhalten;
- B. Vergleich des diagnostischen Werts mit Standardwerten für das phTC Protein in nicht-neoplastischen Zellen des gleichen Typs wie die Testprobe;
- 5 C. Diagnostische Werte, die deutlich höher als Standardvergleichswerte liegen, indizieren einen neoplastischen Zustand.
- Eine Methode zur Bestimmung der Gegenwart des phTC Proteins in einer Zelle oder zellulären Probe, die auf der Amplifikation eines hTC-Polynukleotids oder Hybridisierung eines hTC-Polynukleotids, Primers oder einer hTC komplementären
- 10 Sequenz mit einem hTC Polynukleotid beruhen.
- Ein Testkit zum Nachweis von phTC in zellulären Proben und Körperflüssigkeiten, wobei markierte, immunchemisch-reaktive Komponenten beispielsweise sein
- 15 können: polyklonale Antikörper gegen phTC, monoklonale Antikörper gegen phTC, Fragmente dieser Antikörper oder einem Gemisch aus diesen Komponenten.
- Eine Methode zur Verhinderung und/oder Behandlung zellulärer (Zer-) Störung und/oder Fehlfunktion und/oder anderer Krankheitsbilder im Menschen, die auf der
- 20 Gabe einer therapeutisch effektiven Menge an katalytisch aktiver humaner Telomerase, ihrer funktionellen Äquivalente oder ihrer katalytisch aktiven Fragmente beruht. Ebenfalls denkbar ist der Einsatz einer Substanz, die die Produktion und/oder Aktivität von phTC fördert; eine Substanz, die die Aktivität von phTC imitieren kann; einer Substanz, die die Produktion und/oder Aktivität von phTC
- 25 inhibieren kann oder eines Gemisches dieser Substanzen. Weiterhin kann ein spezifischer Bindungspartner eingesetzt werden.
- Bevorzugt wird die Methode eingesetzt zur Verhinderung oder Behandlung der Alterung oder von Krebserkrankungen.
- 30 Substanzen, die die Aktivität von phTC beeinflussen, d.h. inhibieren oder fördern, können, werden hier als Modulatoren bezeichnet. Solche Modulatoren können in an

sich bekannter Weise gefunden werden, wenn man in einem Telomerase-Assay ihren Einfluß auf die Telomerase-Aktivität prüft. Beispiele für Telomerase-Assays sind im Rahmen von Beispiel 15 angegeben.

5 Modulatoren der phTC sind interessant zur Behandlung von Krankheiten, die mit Telomerase in Zusammenhang stehen. Insbesondere seien hier die Verhinderung oder Behandlung von Alterungsprozessen oder von Krebserkrankungen genannt.

10 - Eine antisense-Nukleinsäure gegen die hTC mRNA, die eine Nukleotidsequenz enthält, die mit besagter mRNA hybridisiert, wobei die antisense-Nukleinsäure eine RNA oder eine DNA ist.

Bevorzugt bindet die antisense-Nukleinsäure an das Start-Kodon der jeweiligen mRNAs.

15 - Ein rekombinantes DNA Molekül mit einer DNA Sequenz, von der bei der Transkription eine antisense-Ribonukleinsäure gegen die hTC mRNA produziert wird. Diese besagte antisense-Ribonukleinsäure enthält eine Nukleinsäuresequenz, die mit der besagten hTC mRNA hybridisieren kann.

20 Ein solches DNA-Molekül kann zur Herstellung einer Zelllinie mit reduzierter Expression von phTC eingesetzt werden, indem man eine phTC-produzierende Zelllinie mit diesem rekombinanten DNA Molekül transfiziert.

25 - Ein Ribozym, das die hTC mRNA spaltet.

Bevorzugt ist dies ein *Tetrahymena*-Typ Ribozym oder ein Hammerhead-Typ Ribozym.

30 - Ein rekombinantes DNA Molekül mit einer DNA Sequenz, deren Transkription zur Produktion eines solchen Ribozyms führt.

Dieses rekombinante DNA-Molekül kann eingesetzt werden um eine phTC-produzierende Zelllinie zu transfizieren.

- 5 - Eine Zusammenstellung, bestehend aus einem Paar von humanen hTC Polynukleotid-PCR Primern, wobei die Primer bevorzugt aus Sequenzen bestehen, die mit der Sequenz der humanen hTC mRNA korrespondieren oder zu dieser Sequenz komplementär sind.
- 10 - Eine Zusammenstellung, die eine Polynukleotid-Hybridisierungssonde für das humane hTC Gen enthält, wobei die Sonde bevorzugt mindestens 29 aufeinanderfolgende Nukleotide enthält, die mit der Sequenz des humanen hTC Gens korrespondieren oder zu dieser komplementär sind.
- 15 - Tiermodelle, mit denen die Telomerase/Telomer-Regulation *in vivo* untersucht werden kann. So können z.B. mit Knockout- oder transgenen Tieren Tumorentstehung und Alterung direkt untersucht werden.

20 Funktionelle Äquivalente sind im Fall von Proteinen oder Peptiden solche Verbindungen, die sich zwar hinsichtlich der Aminosäuresequenz unterscheiden können, aber im wesentlichen dieselben Funktionen haben.

Bekannte Beispiele hierfür sind Isoenzyme bzw. sogenannte Mikroheterogenitäten bei Proteinen.

25 Im Fall der Oligo- oder Polynucleinsäuren sollten unter funktionellen Äquivalenten solche Verbindungen verstanden werden, die sich in der Nucleotid-Sequenz unterscheiden, aber für das selbe Protein codieren. Dies ist z.B. auf den degenerierten genetischen Code zurückzuführen.

30 Erläuterung der Abbildungen:

Fig. 1: cDNA Sequenz der humanen katalytischen Telomerase-Untereinheit (hTC) (SEQ ID No. 1).

Fig. 2: Abgeleitete Aminosäuresequenz von der in Fig.1 dargestellten hTC DNA Sequenz (SEQ ID No. 2).

Die in Fig. 1 dargestellte DNA Sequenz läßt sich von Position 64 bis Position 3461 vollständig in eine Aminosäuresequenz translatieren. Die Aminosäurereste sind entsprechend ihrem Einbuchstabencode dargestellt.

Fig. 3: Ethidiumbromid-gefärbtes Agarosegel mit unterschiedlich vorbehandelter DNA von AA281296.

Die Abbildung zeigt ein Ethidiumbromid-gefärbtes 0,8%iges Agarosegel. In den Spuren 1 und 8 sind zwei verschiedene DNA Größenstandards aufgetragen, wobei die DNA Fragmentlängen 3, 2, 0.5 und 0.4 kb hervorgehoben sind. Die AA281296 DNA in pT7T3D wurde mit den Restriktionsenzymen Eco RI /Not I (Spur 3), Pst I (Spur 6) und Xho I (Spur 7) verdaut. Auf die Spur 2 wurde unverdaute DNA von AA281296 in pT7T3D aufgetragen. In den Spuren 4 und 5 wurde 1/10 eines PCR-Ansatzes (1 Minute 94°C, 2 Minuten 60°C, 3 Minuten 72°C) mit der hTC cDNA in pT7T3D und den Primern 1 (5' GAGTGTGTACGTC-GTCGAGCTGCTCAGGTC 3') und 4 (5' CACCCTCGAGGTGAGACGCTCGGCC 3') [Spur 4] bzw. mit den Primern 6 (5' GCTCGTAGTTGAGCACGCTGAACAGTG 3') und 7 (5' GCCAAGTTCCTGCACTGGCTGATGAG 3') [Spur 5] appliziert.

Fig. 4: Ausschnitt aus einem Proteinsequenzvergleich der katalytischen Telomerase-Untereinheiten von *Euplotes* p123 (p123) und Mensch (phTC).

Die Bedingungen (Ktuple, Gap Penalty und Gap Length Penalty) für den in dieser Abbildung dargestellten Lipman-Pearson Proteinvergleich mit der Lasergene Programmsoftware (Dnastar, Inc.) sind aufgelistet. Die Aminosäurereste sind entsprechend ihrem Einbuchstabencode dargestellt. Die zwischen p123 von *Euplotes aediculatus* und dem identifizierten EST₁ identischen Aminosäuren sind ebenfalls durch den entsprechenden Buchstaben aus dem Einbuchstabencode hervorgehoben.

Nicht identische, aber in der Funktion ähnliche oder vergleichbare Aminosäuren sind durch ein : gekennzeichnet.

Fig. 5: Ausschnitt aus einem Proteinsequenzvergleich der katalytischen Telomerase-Untereinheiten von *Euplotes* p123 (p123), und Hefe (est2p).

Die Bedingungen (Ktuple, Gap Penalty und Gap Length Penalty) für den in dieser Abbildung dargestellten Lipman-Pearson Proteinvergleich mit der Lasergene Programmsoftware (Dnastar, Inc.) sind aufgelistet. Die Aminosäurereste sind entsprechend ihrem Einbuchstabencode dargestellt. Die zwischen p123 von *Euplotes aediculatus* und est2p von Hefe identischen Aminosäuren sind ebenfalls durch den entsprechenden Buchstaben aus dem Einbuchstabencode hervorgehoben. Nicht identische, aber in der Funktion ähnliche oder vergleichbare Aminosäuren sind durch ein : gekennzeichnet.

Fig. 6: Ausschnitt aus einem Proteinsequenzvergleich der katalytischen Telomerase-Untereinheiten von Hefe (est2p) und Mensch (phTC).

Die Bedingungen (Ktuple, Gap Penalty und Gap Length Penalty) für den in dieser Abbildung dargestellten Lipman-Pearson Proteinvergleich mit der Lasergene Programmsoftware (Dnastar, Inc.) sind aufgelistet. Die Aminosäurereste sind entsprechend ihrem Einbuchstabencode dargestellt. Die zwischen est2p von Hefe und dem identifizierten EST₁ identischen Aminosäuren sind ebenfalls durch den entsprechenden Buchstaben aus dem Einbuchstabencode hervorgehoben. Nicht identische, aber in der Funktion ähnliche oder vergleichbare Aminosäuren sind durch ein : gekennzeichnet.

Fig. 7: Ausschnitt aus einem Proteinsequenzvergleich der katalytischen Telomerase-Untereinheiten von *Euplotes* p123 (p123), Hefe (est2p) und Mensch (phTC).

Der in der Fig. 5 dargestellte Vergleich zwischen *Euplotes* p123 (p123), Hefe (est2p) und Mensch (phTC) wurde mit dem Clustal Method Subprogramm der Lasergene Programmsoftware (Dnastar, Inc.) unter Standardbedingungen durchgeführt. Die Aminosäurereste sind entsprechend ihrem Einbuchstabencode dargestellt. Die zwischen est2p von Hefe, p123 von *Euplotes aediculatus* und dem

identifizierten EST-, identischen Aminosäuren sind ebenfalls durch den entsprechenden Buchstaben aus dem Einbuchstabencode hervorgehoben. Zusätzlich sind die Bereiche, die zwischen allen drei Proteinen identisch sind, durch einen hellgrauen Balken oberhalb der Proteinsequenz gekennzeichnet.

5

Fig. 8: Generierte DNA Sequenz aus Beispiel 6 (RACE Runde 1) (SEQ ID No. 3).

Fig. 9: Generierte DNA Sequenz aus Beispiel 6 (RACE Runde 2) (SEQ ID No. 4).

10 Fig. 10: Generierte DNA Sequenz aus Beispiel 6 (RACE Runde 3) (SEQ ID No. 5).

Fig. 11: Generierte DNA Sequenz aus Beispiel 8 (RACE Runde 3) (SEQ ID No. 6).

15 Fig. 12: Übersicht zur Klonierung der vollständigen hTC cDNA. Die Positionen der Start- und Stopcodons sind mit Pfeilen gekennzeichnet. Die schwarzen Bereiche der Rechtecke symbolisieren für Protein kodierende Sequenzabschnitte, während die hellgrauen Bereiche 5' und 3' untranslatierte cDNA Regionen symbolisieren bzw. für Intronsequenzen stehen. Die dunkelgrauen Blöcke im Rechteck für die Full length cDNA stehen entweder für das Telomerase-spezifische Motiv (T), oder für die sieben Reverse Transkriptase Motive (Nummer 1-7).

20

Die DNA-Fragmente, die zur Darstellung der vollständigen hTC cDNA notwendig sind, sind ebenfalls als Rechtecke dargestellt und entsprechend ihrer Herkunft gekennzeichnet. Alle Rechtecke sind in ihrer Position relativ zueinander angeordnet. Die Herkunft des DNA-Fragments, für das das Rechteck AA261296 steht, ist in Beispiel 2 beschreiben. Die relative Position der 182 bp Deletion in diesem Fragment (vergleiche Beispiel 2) ist durch eine Lücke im Rechteck gekennzeichnet. Die Herkunft der DNA-Fragmente, für die die Rechtecke RACE1, RACE2 und RACE3 stehen, sind in Beispiel 6 beschreiben. Die Herkunft des DNA-Fragments, für das das Rechteck C5F-Fragment steht, ist in Beispiel 7 beschreiben. Die Herkunft des DNA-Fragments, für das das Rechteck Lambda12 steht, ist in Beispiel 9 beschreiben. Der 3' Teil in dem DNA-Fragment Lambda 12, der für eine nicht mit hTC in Verbindung stehende cDNA codiert (vergleiche Beispiel 9), ist in dieser Ab-

30

bildung nicht dargestellt. Die vollständige hTC-cDNA Sequenz wurde unter Verwendung der in dieser Abbildung dargestellten DNA-Fragmente Lambda 12 und C5F an den 5' und 3' Splicestellen zusammengefügt (vergleiche Beispiel 7) Diese Splicestellen wurden in diversen Fragmenten identifiziert (RACE 1, RACE 3, Lambda 12 und C5F).

Fig.13: Detailausschnitte aus einem Proteinsequenzvergleich der katalytischen Telomerase-Untereinheiten von *Euplotes* und Mensch (hTC).

Die Abbildung zeigt Ausschnitte aus einem Proteinsequenzvergleich zwischen den katalytischen Telomerase-Untereinheiten von *Euplotes* und Mensch (hTC). In den umrandeten Boxen sind die Motive für die Reverse Transkriptase hervorgehoben. Die Ziffern unter den Umrandungen beziehen sich auf die jeweilige Aminosäureposition in der Fig. 2. Die Aminosäurereste sind entsprechend ihrem Einbuchstabencode dargestellt. Identische Aminosäuren sind fett gedruckt. In der Konsensussequenz für das Reverse Transkriptase (RT consensus)-Motiv steht h für eine hydrophobe Aminosäure und p bezeichnet eine polare Aminosäure Sind diese Gruppen von Aminosäuren in der Aminosäuresequenz von *Euplotes* und hTC erhalten, sind p bzw. h fettgedruckt. Sehr hoch konservierte Aminosäuren sind grau unterlegt. In RT3 ist die umrandete Box erweitert, um zusätzliche homologe Aminosäuren zu erfassen. Das Telomerase-spezifische Motiv ist in Beispiel 9 beschrieben.

Fig.14: Generierte DNA-Sequenz aus Beispiel 11 (3' Variante) (SEQ ID No. 7). Der nicht zu der in Fig. 1 dargestellten DNA-Sequenz homologe Bereich ist fett hervorgehoben.

Fig.15: hTC Expression in Krebszelllinien und in normalem humanen Gewebe. Abb. A: Auf dem Northern-Blot wurden nach Angaben des Herstellers (Fa. Clontech) etwa 2 µg poly A⁺ RNA aus verschiedenen humanen Zelllinien immobilisiert. Im einzelnen stammte die RNA aus einem Melanom (G361), einem Lungenkarzinom (A549), aus einem Adenokarzinom des Kolons (SW480), aus einem Burkitt Lymphom Raji, aus einer Leukämie Zelllinie (MOLT-4), aus einer chronischen Leukämie Zelllinie (K-

562), aus einem Cervixtumor (HeLa) und aus der Leukämie Zelllinie HL60. Die gekennzeichneten 4,4 kb, 6 kb und 9,5 kb Transkripte sind spezifisch für hTC (vergleiche Beispiel 10). Abb. B: Auf dem Northern-Blot wurden nach Angaben des Herstellers (Fa. Clontech) etwa 2 µg poly A⁺ RNA aus verschiedenen humanen Geweben immobilisiert. Im einzelnen wurde die RNA aus Herz, Gehirn, Plazenta, Lunge, Leber, Skelettmuskulatur, Niere und Pankreas isoliert. Ein RNA-Größenstandard ist dargestellt.

Fig. 16: Western-Blot Analyse der Kaninchenserum gegen Peptide aus der humanen Telomerase-Aminosäuresequenz (Beispiel 12). Jeweils 20 µl der bakteriellen Lysate aus Beispiel 13 wurden unter Zuhilfenahme der Antiserum aus Beispiel 12 in einem Western-Blot (Ausubel *et al.*, 1987) analysiert. In den Spuren 1, 2, 6 und 7 wurden Lysate aus Bakterien, die das pMALEST-Konstrukt beinhalten, aufgetragen. In den Spuren 3, 4, 8 und 9 wurden Lysate aus Bakterien, die das pMALA1-Konstrukt beinhalten, aufgetragen. In den Spuren 1, 3, 6 und 8 sind Lysate aus nicht mit IPTG (Isopropyl-beta-thiogalaktopyranosid) induzierten Bakterien aufgetragen. In den Spuren 2, 4, 7 und 9 sind Lysate aus mit IPTG induzierten Bakterien aufgetragen. In der Spur 5 wurde ein Standardgrößenmarker (10 kDa Protein-Leiter der Firma Life Technologies, Kat. Nr. 10064-012) aufgetragen. Die 50 kDa- und 120 kDa-Banden sind am Rande der Membranen gekennzeichnet. Die PVDF-Membran in der Abb. A mit den Spuren 1 bis 4 wurde mit Preimmunserum gegen das Peptid B (vergleiche Beispiel 12) inkubiert. Die PVDF-Membran in Abb. B mit den Spuren 6 bis 9 wurde mit Preimmunserum gegen das Peptid C (vergleiche Beispiel 12) inkubiert. Die PVDF-Membran in der Abb. B mit den Spuren 1 bis 4 wurde mit Immunserum gegen das Peptid B (vergleiche Beispiel 12) inkubiert. Die PVDF-Membran in Abb. B mit den Spuren 6 bis 9 wurde mit Immunserum gegen das Peptid C (vergleiche Beispiel 12) inkubiert.

Fig. 17: Autoradiogramm von ³⁵S-markiertem, *in vitro* translatiertem Protein. In der Spur 1 wurde das vollständige *in vitro* translatierte hTC aufgetragen (vergleiche Beispiel 15). In der Spur 2 wurde eine C-terminal verkürzte Version von phTC aufgetragen. Die Spur 3 zeigt eine vom Hersteller (vergleiche Beispiel 15) gelieferte

Positivkontrolle für die *in vitro* Translation. Zur Abschätzung der Proteingrößen ist auf der rechten Seite ein Proteingrößenstandard gekennzeichnet.

Fig. 18: Autoradiogramm von ^{32}P -markierten Produkten aus dem TRAP-Assay (vergleiche
5 Beispiel 15). In den Spuren 1 und 2 wurde als Negativkontrolle ein TRAP-Assay
Ansatz ohne Zugabe von Enzym oder Protein aufgetragen. In den Spuren 3 und 4
wurde als Positivkontrolle ein TRAP-Assay-Ansatz mit partiell aufgereinigter
humaner Telomerase aus HeLa-Zellen aufgetragen. In den Spuren 5 und 6 wurde ein
TRAP-Assay-Ansatz mit *in vitro* translatiertem phTC unverdünnt aufgetragen. In
10 den Spuren 7 und 8 wurde ein TRAP-Assay Ansatz mit *in vitro* translatiertem phTC
in einer 1:4 Verdünnung aufgetragen. In den Spuren 9 und 10 wurde ein TRAP-
Assay Ansatz mit *in vitro* translatiertem phTC in einer 1:16 Verdünnung
aufgetragen. In den Spuren 11 und 12 wurde als Negativkontrolle ein TRAP-Assay
Ansatz mit *in vitro* translaterter Luziferase aufgetragen.

15

Fig. 19: Autoradiogramm von ^{32}P -markierten Produkten aus dem direkten Telomerase Assay
(vergleiche Beispiel 15). In der Spur 1 wurde ein radioaktiv markierter 10 bp-
Marker aufgetragen. In der Spur 2 wurde ein 5' radioaktiv markiertes Telo-
meroligonukleotid ([TTAGGG]₃) aufgetragen. Bei der Spur 3 handelt es sich um eine
20 leere Spur. In der Spur 4 wurde als Positivkontrolle partiell aufgereinigte humane
Telomerase aus HeLa-Zellen im direkten Assay verwendet und das Syntheseprodukt
aufgetragen. In der Spur 5 wurde das *in vitro* translatierte phTC aus Beispiel 15 im
direkten Assay verwendet und das Syntheseprodukt aufgetragen.

Beispiele

Beispiel 1

5 Es wird heute angenommen, daß weniger als 5 % des humanen Genoms tatsächlich transkribiert und in Protein translatiert werden. Durch die gezielte Untersuchung dieser kodierenden Genomanteile könnten bereits vor der kompletten Sequenzierung des Genoms wichtige Informationen über die 60 000 - 70 000 Gene in einer humanen Zelle gewonnen werden. Die Automatisierung der Hochdurchsatz-DNA-Sequenzieretechnologie in den
10 letzten 10 bis 15 Jahren ermöglichte es, viele cDNAs aus Plasmid-cDNA-Bibliotheken unterschiedlichsten Ursprungs zu sammeln und das jeweilige 5'- bzw. 3'-Ende zu sequenzieren. Diese typischerweise 300 bis 400 bp kurzen DNA-Sequenzen werden „Expressed Sequence Tags“ oder kurz ESTs genannt und sind in verschiedenen spezialisierten Datenbanken zusammengefaßt. Der EST-Ansatz wurde zuerst von Okubo *et al.*
15 *et al.* (1992) beschrieben und von Adams *et al.* (1992) auf einen größeren Maßstab übertragen. Gegenwärtig sind etwa 50 000 Gene aus humanen Zellen teilweise sequenziert und als EST-Eintragung dokumentiert.

Durch den Vergleich mit DNA- und Aminosäuresequenzen bekannter Gene können ver-
20 wandte, aber bislang unbekannte Gene in diesen EST-Datenbanken identifiziert werden (Gerhold and Caskey, 1996). Ein Suchalgorithmus, der sich hierfür besonders bewährt hat, ist das tBLASTn (Altschul *et al.*, 1990). Dieser Algorithmus translatiert jede DNA-Sequenz in der EST-Datenbank in alle sechs möglichen Leserahmen und vergleicht diese Aminosäuresequenzen mit der bekannten Proteinsequenz.

25 Mit der kürzlich publizierten Proteinsequenz für die katalytische Telomerase-Untereinheit aus *Euplotes aediculatus*, p123 (Lingner *et al.*, 1997), wurde die EST-Datenbank am National Center for Biotechnology Information (NCBI) durchsucht. Als Resultat wurde ein humaner EST mit der Accession Nummer AA281296 identifiziert, der im Leserahmen +1
30 eine signifikante Homologie zu p123 aufweist. Diese Aminosäuresequenz mit dem Leserahmen +1 wird im folgenden als EST₊₁ bezeichnet.

Die Homologie zwischen p123 und dem EST₊1 ist am auffälligsten in zwei Sequenzbereichen, die durch 30 Aminosäuren getrennt sind. Der längere Sequenzbereich, der sich bei p123 von Aminosäure 438 bis 484 erstreckt, ist zu 38% identisch zu dem korrespondierenden Bereich im EST₊1. Werden auch ähnliche Aminosäuren berücksichtigt, liegt die Übereinstimmung sogar bei 59%. Der zweite Homologieblock erstreckt sich im p123-Protein von Aminosäure 513 bis 530 und weist eine 44%ige Identität zu dem entsprechenden Sequenzabschnitt im identifizierten EST₊1 auf. Unter Berücksichtigung von Aminosäureresten mit ähnlichen Eigenschaften findet sich eine Überstimmung von 61%.

Ein wichtiger Parameter zur Beurteilung einer BLAST-Suche ist der Wert P (Probability). P gibt an, mit welcher Wahrscheinlichkeit ein spezifisches Segmentpaar auch in einer BLAST-Suche mit einer Zufallssequenz gefunden würde und bewegt sich numerisch zwischen 0 (Resultat hoch signifikant) und 1 (Ergebnis ohne Bedeutung). So verlief z.B. der Vergleich des p123 Äquivalents aus Hefe (est2p) mit der NCBI-EST-Datenbank negativ: Der gefundene EST hatte eine Wahrscheinlichkeit von P=1 (Tab. 1). Dagegen weist das humane Telomerase- assoziierte Protein 1 (hTP1), das in einer der Allgemeinheit nicht zugänglichen EST-Datenbank gefunden wurde (Harrington *et al.*, 1997), eine Wahrscheinlichkeit von P=0.004 auf.

bekanntes Gen (Spezies)	P	identifiziertes Gen	Ursprung der cDNA Bibliothek
est2p (<i>Saccharomyces cerevisiae</i>)	0.999	Ratten EST	Niere
p80 (<i>Tetrahymena thermophila</i>)	0.004	hTP1 (Harrington <i>et al.</i> , 1997)	Krypten des Darmepithels
p123 (<i>Euplotes aediculatus</i>)	$3.5 \cdot 10^{-06}$	AA281296	Keimzentren der Tonsillen

Tab. 1: Vergleich dreier tBlastn-Suchläufe mit verschiedenen bekannten Genen.

Der durch den Vergleich mit p123 identifizierte humane EST AA281296 hat eine Wahrscheinlichkeit von $P=3.5 \cdot 10^{-06}$.

Diese Daten legen nahe, daß der identifizierte EST aller Wahrscheinlichkeit nach für ein Fragment der katalytischen Untereinheit der humanen Telomerase kodiert. Daher wird das korrespondierende Gen im folgenden mit hTC (human Telomerase, catalytic) und das abgeleitete Protein mit phTC abgekürzt.

Beispiel 2

Der durch den Vergleich mit p123 identifizierte EST wurde am 2. April 1997 in die EST-Datenbank eingespeist und ist in keiner Zeitschrift publiziert. Die cDNA-Bibliothek, in welcher dieser EST-Klon vorliegt, wurde laut Angaben des National Center for Biotechnology Information wie folgt hergestellt:

Nach Präparation der mRNA aus den Keimzentren der Tonsillen wurde eine cDNA-Synthese durchgeführt und die doppelsträngigen cDNA-Fragmente gerichtet über die Restriktionsenzymchnittstellen Not I und Eco RI in den Vektor pT7T3D-Pac kloniert.

Die Sequenzierung der in die EST-Datenbank eingespeisten 389 bp erfolgte über den -28m13 rev2-Primer der Firma Amersham (DNA-Sequenz siehe Fig. 1 Position 1685 bis 2073).

Unter Verwendung der Lasergene Programmsoftware (Dnastar Inc.) wurde die DNA-Sequenz von EST AA281296 entsprechend des humanen genetischen Codes translatiert. Die resultierende Aminosäuresequenz (EST₁) entspricht der Position 542 bis 670 in Fig. 2.

Die abgeleitete Proteinsequenz von EST₁ setzt sich aus 129 Aminosäuren zusammen, darunter 27 basische, 11 saure, 51 hydrophobe und 28 polare Aminosäurereste.

Der in Beispiel 1 identifizierte EST (AA 281296) wurde kommerziell von der Research Genetics, Inc. (Huntsville) in Form eines in *E. coli* transformierten Plasmids erworben und experimentiell analysiert:

Wie in dem Ethidiumbromid-gefärbten Agarosegel der Fig. 3 gezeigt, wird nach Restriktionsverdau der hergestellten Plasmid DNA vom EST AA 281296 ein etwa 2,2 kb großes Fragment aus dem Vektor pT7T3D freigesetzt. Anhand einer parallel durchgeführten Polymeraseketten- (PCR) -Reaktion mit spezifischen internen Primern wurde der EST AA281296 überprüft. : Die Länge der erwarteten PCR Produkte liegt bei 325 und 380 bp und stimmt mit der Länge der experimentell gefundenen Fragmente überein (vergl. Spur 4 und 5 in Fig.3). Damit konnte gezeigt werden, daß der vom Research Genetics, Int. (Huntsville) zugesandte E.coli-Klon den identifizierten EST als Plasmid beinhaltet.

Nach DNA-Präparation wurden die insgesamt 2176 bp des Inserts durch Doppelstrangsequenzierung identifiziert. Ein Sequenzvergleich des Klons AA281296 mit der DNA-Sequenz des C5F-Fragments (vergleiche Beispiel 7) ergab, daß eine 182 bp Deletion vorliegt (Position 2352 bis 2533, Fig. 1) und sich somit der offene Leserahmen in diesem Bereich verschiebt. Zusammenfassend setzt sich die DNA-Sequenz von Klon AA281296 somit aus den Sequenzinformationen der Fig. 1 (Position 1685 bis 2351 und Position 2534 bis 4042) zusammen.

Beispiel 3

Im tBLASTn Vergleich werden nur die Bereiche mit den höchsten Übereinstimmung zwischen p123 und EST₁ identifiziert (Aminosäuren 438-530, in p123), wogegen die dazwischenliegenden Aminosäuren nicht berücksichtigt werden. Um Aussagen über die Verwandtschaft der Proteinsequenzen über einen größeren Bereich (Aminosäuren 437-554, in p123) zu treffen, wurde ein „Lipman-Pearson Proteinvergleich“ durchgeführt (siehe Fig. 4). Hierbei wurden 34% identische Aminosäuren bzw. 59% Aminosäuren, die entweder identisch oder biochemisch ähnlich sind, gefunden. Dieses Ergebnis zeigt, daß sich auch außerhalb der mit dem tBLASTn gefundenen Homologiebereiche die Verwandtschaft zwischen diesen Proteinen fortsetzt.

Wie kürzlich berichtet (Lingner *et al.*, 1997), sind p123 aus *Euplotes aediculatus* und est2p aus *Saccharomyces cerevisiae* zueinander homolog. Um den Grad der Verwandtschaft

zwischen p123 und est2p ins Verhältnis zu der hier beschriebenen Homologie zwischen p123 und EST₊1 zu stellen, wurde die oben beschriebene Region von p123 (Aminosäuren 437-554) mit Hilfe des Lipman-Pearson Proteinvergleichs unter Verwendung identischer Parameter auch mit est2p verglichen. Dabei zeigte sich, daß p123 und est2p in diesem ausgewählten Bereich zu 21% identisch sind bzw. 22% identische Aminosäuren oder biochemisch ähnliche Aminosäurereste aufweisen (siehe Fig. 5). Demnach ist die Homologie zwischen EST₊1 und dem p123 von *Euplotes* signifikant höher als zwischen die p123 und est2p.

10 Beispiel 4

Die Homologie von p123 zu EST₊1 und est2p legt die Schlußfolgerung nahe, daß alle 3 Proteine zur gleichen Proteinfamilie gehören. Um diese Annahme zu bestätigen, wurde est2p unter den in Beispiel 3 erwähnten Bedingungen mit EST₊1 verglichen (siehe Fig. 6). Dabei zeigte sich, daß EST₊1 20% Identität zu est2p hat, also eine vergleichbare Homologie wie p123 zu est2p aufweist. Diese vergleichsweise geringe Übereinstimmung bestätigt auch den Befund, daß in der tBLASTn-Suche mit est2p kein signifikanter EST identifiziert wurde (siehe Beispiel 1).

20 Beispiel 5

Um für die Proteinfamilie der katalytischen Telomerase-Untereinheiten aus verschiedenen Spezies wichtige, unter Umständen funktionelle Domänen, zu identifizieren, wurde ein Computervergleich mit p123, est2p und phTC durchgeführt (siehe Fig. 7). Bei dieser Analyse fallen insbesondere zwei Bereiche auf, die in allen drei Proteinen enthalten sind (siehe Fig. 7). Dem Bereich, der bei p123 den Aminosäuren 447 bis 460 entspricht (Fig. 13, Telomerase Motiv) kann gegenwärtig keine eindeutige Funktion zugeordnet werden. Eine Motiv-Suche mit dem „Wisconsin Sequence Analysis Package“ von der „Genetics Computer Group“ (GCG) und eine Suche in einer Protein-Datenbank (Swissprot, Ausgabe vom 8.6.1997) ergaben keine signifikanten Erkenntnisse.

Dagegen weist ein zweiter, zwischen p123, est2p und phTC homologer Bereich, der bei p123 den Aminosäuren 512-526 entspricht, ein Konsensus-Motiv für eine Reverse Transkriptase (RT) auf (Fig. 7 und 13). Lingner *et al.* (1997) konnten zeigen, daß p123/est2p insgesamt 6 solcher RT-Motive enthalten, die für die katalytische Funktion von
5 p123/est2p essentiell sind. Wie in Fig. 7 und 13 dargestellt, sind in der untersuchten Sequenz von phTC auch zwei solcher RT-Motive konserviert. Hierbei handelt es sich um die RT-Motive, welche bei p123/est2p am weitesten N-terminal lokalisiert sind (Lingner *et al.*, 1997).

10 Die Primärsequenzen von Reversen Transkriptasen sind stark divergent; nur wenige Aminosäuren sind innerhalb eines separaten Motivs vollständig konserviert (Poch *et al.*, 1989 und Xiong and Eickbush, 1990). Außerdem unterscheiden sich Reverse Transkriptasen, die von Retroviren oder Long Terminal Repeat (LTR) Retrotransposons kodiert werden, durch verschiedene Abstände zwischen den konservierten RT-Motiven von solchen Reversen
15 Transkriptasen, die von Nicht-LTR Retrotransposons oder der Gruppe II Introns kodiert werden (Xiong and Eickbush, 1990). Entsprechend des Aufbaus ihrer RT-Motive sind p123, est2p und phTC letzterer RT-Gruppe zuzuordnen. Interessanterweise entsprechen dabei die Konsensussequenzen der RT-Motive in phTC am genauesten dem postulierten RT-Konsensus-Motiv. Von acht Aminosäureresten innerhalb der zwei RT-Motive sind bei
20 phTC 6, bei p123 und est2p hingegen nur 5 Aminosäuren zu finden (Fig. 7 und 13). Auffällig sind hierbei insbesondere die hydrophoben Aminosäuren wie Leucin und Isoleucin sowie die Aminosäuren Lysin und Arginin in bestimmten Positionen (Fig. 7 und 13).

Zusammenfassend konnte hiermit auf deskriptiver Ebene gezeigt werden, daß der aufgrund
25 seiner Homologie zu p123 identifizierte Klon AA281296 ein Fragment der katalytischen Untereinheit der humanen Telomerase darstellt.

Beispiel 6

30 Zur Klonierung des 5'-Endes der hTC-cDNA wurden zusätzlich zu dem in Beispiel 8 aufgeführten Homologiescreening drei aufeinanderfolgende RACE (rapid amplification of cDNA ends)-Reaktionen durchgeführt. Als cDNA-Quelle wurde Marathon-Ready cDNA

(Fa. Clontech) aus der humanen Leukämiezelllinie K562 bzw. aus humanem Testisgewebe eingesetzt. Nachfolgend ist die Durchführung sowie das Ergebnis der einzelnen RACE-Runden beschrieben.

- 5 Darüberhinaus wurden die Sequenzinformationen der RACE-Runden genutzt, um per PCR die Einzelfragmente als einen zusammenhängenden cDNA-Klon zu amplifizieren.

RACE-Runde 1:

- 10 In einem Endvolumen von 50 µl wurden 5 µl K562 Marathon-Ready cDNA (Fa. Clontech, Katalognummer 7441-1) mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1 x Klen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1 x Advantage Klen Taq Polymerase Mix (Fa. Clontech) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Als Primer wurden 10 pmol des internen genspezifischen Primers GSP2 (5'-GCAACTTGCTCCAGACACTCTTCCGG-3') aus dem 5'-Bereich des hTC-
- 15 EST-Klons sowie 10 pmol des Marathon Adaptor Primers AP1 (5'-CCATCCTAATACGACTCACTATAGGGC-3'; Fa. Clontech) zugefügt. Die PCR wurde in 4 Schritten durchgeführt. Nach einer einminütigen Denaturierung bei 94°C wurde über 5 Zyklen für 30 sec bei 94°C denaturiert und anschließend für 4 min bei 72°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert. Es folgten 5 Zyklen, bei denen für 30 sec die
- 20 DNA bei 94°C denaturiert wurde, die anschließende Primerverlängerung aber für 4 min bei 70°C erfolgte. Abschließend wurden dann 22 Zyklen durchgeführt, bei denen nach den 30 sec DNA-Denaturierung die Primeranlagerung und Kettenverlängerung für 4 min bei 68°C stattfand.
- 25 Im Anschluß an diese PCR wurde das PCR-Produkt 1:50 verdünnt. Fünf µl dieser Verdünnung wurden in einer zweiten „nested“ PCR zusammen mit 10 pmol dNTP-Mix in 1 x Klen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1 x Advantage Klen Taq Polymerase-Mix sowie 10 pmol des Primers GSP2 und 10 pmol des „nested“ Marathon Adaptor Primers AP2 (5'-ACTCACTATAGGGCTCGAGCGGC-3'; Fa. Clontech) eingesetzt. Die PCR-Bedingungen
- 30 entsprachen den in der ersten PCR gewählten Parametern. Als einzige Ausnahme wurden im letzten PCR-Schritt statt 22 Zyklen nur 16 Zyklen gewählt.

Als Produkt dieser Nested-RACE-PCR wurde ein 1153 bp langes DNA-Fragment erhalten. Dieses wurde in den TA-Cloning Vektor pCR2.1 der Fa. InVitrogen kloniert und vollständig doppelsträngig sequenziert (Fig. 8 und SEQ ID No. 3).

- 5 Die Nukleotide 974 bis 1153 repräsentieren die in Fig. 1 dargestellte Nukleotidregion 1629 bis 1808 der hTC-cDNA. Bei dem von bp 1-973 reichenden Nukleotidbereich, der keine Homologie zu der in Fig. 1 gezeigten hTC-cDNA-Sequenz aufweist, handelt es sich um Intronsequenzen des hTC-Gens (Daten nicht gezeigt). Eine 3'-Splice-Konsensussequenz ist am Exon-Intron-Übergang zu finden. Die Präsenz von Intronsequenzen könnte auf
- 10 unvollständig gesplicte mRNA als Ausgangssubstanz für die cDNA-Synthese zurückzuführen sein. Auch genomische DNA-Kontaminationen in der cDNA könnten das Auffinden von Intronsequenzen erklären.

RACE-Runde 2:

- 15 Basierend auf den Sequenzdaten der ersten RACE-Runde wurde eine zweite RACE mit dem genspezifischen Primer GSP5 aus der 5'-Region von RACE-Produkt 1 (5'-GGCAGTGACCAGGAGGCAACGAGAGG-3') sowie dem AP1-Primer durchgeführt. Als cDNA-Quelle wurde Marathon-Ready cDNA aus humanem Testis (Fa. Clontech; Katalognummer 7414-1) verwendet. Es wurden gleiche PCR-Bedingungen wie bei der 1. PCR in RACE-Runde 1 gewählt. Auch in RACE-Runde 2 wurde an die 1. PCR eine 2. „nested“ PCR mit verdünntem PCR-Produkt als cDNA-Quelle angeschlossen. Als „nested“
- 20 PCR-Primer wurden der genspezifische Primer GSP6 aus der 5'-Region von RACE-Produkt 1 (5'-GGCACACTCGGCAGGAAACGCACATGG-3') sowie der AP2-Primer genutzt. Die Bedingungen entsprachen den Parametern der Nested-PCR aus RACE-Runde 1.
- 25

- Das 412 bp lange PCR-Produkt der Nested-PCR aus RACE-Runde 2 wurde in den TA-Cloning Vektor pCRII-Topo der Fa. Invitrogen kloniert und vollständig sequenziert (Fig. 9 und SEQ ID No. 4). Der Sequenzabschnitt von bp 267 bis bp 412 ist komplett homolog zu dem 5'-Bereich des Produktes aus RACE 1. Die Region von bp 1 bis bp 266 verlängert
- 30

RACE-Produkt 1 am 5'-Ende. Bei diesem RACE-Produkt 2 handelt es sich wahrscheinlich komplett um einen Intronbereich des hTC-Gens (Daten nicht gezeigt).

RACE-Runde 3:

5

Eine dritte RACE-Runde führte zur Identifizierung von weiter 5'-gelegenen hTC-cDNA-Regionen. Ausgehend von den Sequenzergebnissen der RACE-Runde 2 wurde ein genspezifischer Primer GSP9 (5'-CCTCCTCTGTTCAGTCTCTGGCC-3') aus dem 5'-Bereich des RACE-Produkts 2 gewählt und zusammen mit dem AP1-Primer und Marathon-Ready cDNA aus humanem Testis (Fa. Clontech) in einer neuen RACE eingesetzt. Die RACE-Bedingungen glichen denen der 1. PCR in RACE 1 und 2. In der nachfolgenden „nested“ RACE, die, entsprechend der „nested“-RACE in Runde 1 und 2, mit dem genspezifischen Primer GSP 10 aus dem 5'-Bereich von RACE-Produkt 2 (5'-CGTAAGTTTATGCAAAGTGGACAGG-3') und AP2 erfolgte, wurde ein 1012 bp langes
10 Fragment (Fig. 10 und SEQ ID No. 5) amplifiziert und in den TA-Cloning Vektor pCRII-TOPO kloniert. Die nachfolgende Sequenzierung zeigte, daß die 3'-Region dieses RACE-Fragments (bp 817 - bp 1012) offensichtlich noch Intronsequenz des hTC-Gens darstellt. Komplette homolog zur 5'-Region von RACE-Produkt 2 ist der Bereich von bp 889-1012. Dagegen ist der 5'-Bereich dieses Fragments von bp 1-bp 816 identisch mit der in Fig. 1
15 gezeigten Region von bp 814 - bp 1629 der hTC-cDNA. Eine potentielle 5'-Splice-Konsensussequenz ist am Exon-Intron-Übergang zu finden.
20

Beispiel 7

25 Zur Klonierung eines zusammenhängenden Fragments aus den Sequenzinformationen von RACE 2 und dem Klon AA281296 wurde eine PCR durchgeführt. Als cDNA-Quelle wurde Marathon-Ready cDNA aus humanem Testis (Fa. Clontech; Katalognummer 7414-1) verwendet. Der PCR Ansatz erfolgte wie unter RACE 1 (vergleiche Beispiel 6) beschrieben, allerdings mit den Primern C5F (5'-CGAGTGGACACGGTGATCTCTGCC-3') aus der 5'
30 Region von RACE 2 und dem Primer C3B (5'-GCACACCTTTGGTCACTCCAAATTCC-3') aus der 3' Region vom Klon AA281296. Die PCR wurde in 2 Schritten durchgeführt. Nach einer einminütigen Denaturierung bei 94°C wurde über 36 Zyklen für 30 sec bei 94°C

denaturiert und anschließend für 4 min bei 68°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert.

Als Produkt dieser PCR wurde ein 2486 bp langes DNA-Fragment, im folgenden als C5F-Fragment bezeichnet, erhalten. Dieses wurde in den TA-Cloning Vektor pCRII-TOPO der Fa. Invitrogen kloniert und vollständig doppelsträngig sequenziert. Ein Sequenzvergleich von dem C5F-Fragment mit DNA-Sequenz vom Klon AA281296 ergab, daß zwischen dem RT-Motiv 3 und RT-Motiv 4 eine 182 bp lange in frame Insertion vorliegt (Position 2352 bis 2533, Fig.1). Ein weiterer Vergleich der DNA vom C5F-Fragment mit den Sequenzen der drei RACE-Runden machte deutlich, daß am 3' Ende von C5F ein bereits in RACE 2 identifiziertes Intron vorliegt. Eine 3'-Splice-Konsensussequenz ist am Exon-Intron-Übergang zu finden. Zusammenfassend setzt sich die DNA-Sequenz vom C5F-Fragment somit aus den Sequenzinformationen der Fig. 9 (Position 64 bis 278) und den Sequenzdaten der Fig. 1 (Position 1636 bis 3908) zusammen.

Beispiel 8

Zur Klonierung des 5'-Endes der hTC-cDNA wurden zusätzlich zu dem in Beispiel 6 aufgeführten RACE-Protokoll ein Homologiescreening (Ausubel *et al.*, 1987) durchgeführt. Als cDNA-Quelle wurde eine humane Erythroleukemia 5'-Stretch Plus cDNA Bibliothek (Fa. Clontech, Kat. Nr. HL5016b) aus der humanen Leukämiezelllinie K562 verwendet. Etwa 3×10^6 Pfu dieser random und oligo dT geprimten Bibliothek wurden wie bei Ausubel *et al.*, (1987) ausplattiert und zum Screening eingesetzt. Als Probe wurde ein 719 bp langes (Position 1685 bis 2404, entsprechend der Fig. 1) radioaktiv markiertes hTC-DNA-Fragment benutzt.

Von 20 putativ positiven λ Klonen konnte nach einem Rescreening mit der gleichen hTC-Sonde der λ Klon 12 als positiv verifiziert werden. Nach Plaqueaufreinigung und λ DNA-Präparation (Ausubel *et al.*, 1987) wurde das 4kb Insert in den Vektor pBluescript umklont und durchsequenziert (Fig. 11 und SEQ ID No. 6).

Ein Vergleich der λ Klon 12-Sequenz mit den Sequenzen der RACE-Klone und der DNA-Sequenz vom Klon AA281296 ergab, daß dieser im Homologie Screening identifizierte Klon für einen 5' Teil der hTC-cDNA kodiert und ein putatives ATG-Startcodon in Position 63 entsprechend der Fig. 1 aufweist. 5' von diesem ATG liegt kein Stopcodon im gleichen Leserahmen vor. Weitere Sequenzanalysen machen deutlich, daß der λ Klon 12 von Position 1656 bis 2004 wahrscheinlich ein Intron enthält. Sehr gut konservierte 5' und 3' Splicestellen belegen diese Hypothese. Die für die hTC-cDNA kodierende Sequenz setzt sich dann von Position 2005 bis Position 2382 fort. Die Sequenz von 2383 bis zum 3' Ende vom λ Klon 12 weist einen auffälligen offenen Leserahmen in Leseraster -4 auf. Eine bioinformatische Analyse der entsprechenden DNA-Sequenz zeigte, daß dieser Leserahmen über etwa 400 bp identisch zu diversen ESTs ist, die in keinem Zusammenhang zur hTC-cDNA stehen. Somit handelt es sich bei dem λ Klon 12 um einen chimären Klon, der sich im wesentlichen aus dem 5' Ende der hTC cDNA und einem weiteren cDNA-Klon unbekannter Funktion zusammensetzt.

Eine zusammenfassende schematische Darstellung mit der relativen Orientierung der RACE-Produkte und des Homologiescreenings ist in Fig. 12 dargestellt. Die vollständige Sequenz der hTC-cDNA (Fig. 1) wurde aus dem λ Klon 12 (Position 21 bis 1655 entsprechend der Fig. 11), dem PCR-Produkt C5F (Position 1636 bis 3908 entsprechend der Fig. 1) und dem EST AA281296 (Position 3909 bis 4042 entsprechend der Fig. 1) zusammengesetzt.

Beispiel 9

Durch einen Vergleich der phTC-Proteinsequenz (Fig. 2 und SEQ ID No. 2) mit einer Konsensussequenz von Reversen Transkriptasen (Poch *et al.*, 1989, Xiong and Eickbush, 1990) wurden insgesamt sieben Motive für Reverse Transkriptasen (RT-Motive) identifiziert (Fig. 13). Innerhalb dieser Motive sind einige Aminosäuren nicht nur zwischen der RT-Konsensussequenz und dem phTC, sondern auch im Vergleich zu dem Telomerase-protein aus *Euplotes* hoch konserviert. So sind z.B. in RT-Motiv 5 zwei Asparaginsäuren (Position 868 und 869 in Fig. 2) völlig konserviert (Fig. 13). Das aus anderen Reverse

Transkriptasen abgeleitete RT-Motiv 7 (Poch *et al.*, 1989, Xiong and Eickbush, 1990) wurde nur in der humanen katalytischen Telomeraseuntereinheit aufgezeigt, nicht in dem *Euplotes*-Protein (Fig. 13).

5 Auffällig sind weiterhin Strukturmerkmale, die sich nur in den Telomeraseproteinen, nicht jedoch in anderen Reverse Transkriptasen aufzeigen lassen. Das Telomerase Motiv (Position 553 und 565 in Fig. 2) ist eine für diese Proteinfamilie spezifische Struktur, da es in keinem bisher bekannten Protein vorkommt. Ein weiteres nur in den katalytischen Telomeraseproteinen identifiziertes Merkmal ist der Abstand zwischen den RT-Motiven 3
10 und 4, der mit 107 Aminosäuren deutlich größer ist als in anderen RTs. Diese Besonderheiten erlauben die Schlußfolgerung, daß die katalytischen Untereinheiten der Telomerasen aus verschiedenen Spezies wahrscheinlich eine eigene Untergruppe der RNA-abhängigen DNA-Polymerasen darstellt.

15 Beispiel 10

Die Expression der Telomerase RNA-Untereinheit (hTR) korreliert nicht mit der Telomeraseaktivität, sondern wird ubiquitär beobachtet (Feng *et al.*, 1995). Somit stellt sich die Frage, ob die Ausprägung der katalytischen Telomerase-Untereinheit mit der
20 Telomeraseaktivität einhergeht.

Um das hTR-Expressionslevel zu analysieren, wurden Northern Blot-Experimente (Ausubel *et al.*, 1987) durchgeführt. Die kommerziell erhältlichen Northern Blots waren entweder mit einer Reihe von RNA-Präparationen aus normalem, humanem Gewebe (Fa. Clontech;
25 Katalognummer 7760-1) oder mit RNA-Proben aus humanen Krebszelllinien (Fa. Clontech; Katalognummer 7757-1) bestückt. Als Probe wurde ein 719 bp langes (Position 1685 bis 2404, entsprechend der Fig.1) radioaktiv markiertes hTR-DNA-Fragment benutzt. Die Inkubation der Membranen mit der Probe erfolgte nach Angaben des Herstellers (Fa. Clontech).

30

In den acht getesteten humanen Zelllinien (3 Leukämiezelllinien, 3 Carcinomzelllinien, ein Melanom und ein Lymphom) wurden zwei RNA-Haupttranskripte in der Größe von etwa

9,5 kb und 4,4 kb und ein RNA-Nebentranskript von etwa 6 kb nachgewiesen, die mit der Probe kreuzhybridisieren (Fig. 15, Abb. A). Die hTC mRNA wurde im Vergleich am stärksten in den Leukämie Zelllinien K-562 und HL-60 exprimiert (Fig. 15, Abb. A). Im Gegensatz dazu war das hTC-Transkript in den getesteten normalen Geweben (Herz, Gehirn, Plazenta, Lunge, Leber, Skelettmuskel, Niere und Pankreas) nicht nachzuweisen
5 (Fig. 15, Abb. B). Diese Beobachtung ist nicht überraschend, da in diesen Geweben auch keine Telomeraseaktivität nachgewiesen werden konnte (Kim *et al.*, 1994).

Diese Daten deuten darauf hin, daß die Induktion der hTC Expression für die Aktivierung
10 der Telomerase während der Tumorentstehung eine wesentliche Rolle spielt.

Beispiel 11

Bei der PCR-Amplifikation der hTC-cDNA-Fragmente aus verschiedenen cDNA-Banken
15 (Marathon Ready cDNA der Fa. Clontech aus der humanen Leukämiezelllinie K562 und aus humanem Testis sowie cDNA aus der humanen prämyeloischen Leukämiezelllinie HL60) wurden stets mehrere PCR-Produkte erhalten, die in ihrer Größe minimal voneinander abwichen. Um die Unterschiede zwischen den verschiedenen hTC-PCR-Produkten aufzuklären, wurde mit den Primern C5A (5'-CCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTGC-
20 3') und C3B (5'-GCACACCTTTGGTCACTCCAAATTCC-) ein von bp 1783 bis bp 3901 reichendes Fragment der in Fig. 1 dargestellten hTC-cDNA amplifiziert. Als cDNA-Quelle wurde Marathon-Ready cDNA aus K562-Leukämiezellen (Fa. Clontech; Katalognummer 7441-1) verwendet (PCR1 und 2). In einer dritten PCR wurde mit den Primern GSP1vor (5'-GGCTGATGAGTGTGTACGTCGTCGAG-3') und HTRT3A (5'-
25 GGGTGGCCATCAGTCCAGGATGG-3') ein hTC-Fragment von bp 1695 bis bp 3463 der hTC-cDNA in Fig. 1 aus HL60-cDNA amplifiziert.

Nachfolgend sind die Bedingungen der 3 PCR-Reaktionen beschrieben:

30 In der ersten PCR wurden in einem Endvolumen von 50 µl 5 µl K562 Marathon-Ready cDNA mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1 x Klen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1 x Advantage Klen Taq Polymerase Mix (Fa. Clontech) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Je

10 pmol der Primer C5A und C5B wurden zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine einminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 35 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für 30 sec bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 4 min bei 68°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß
5 folgte für 10 min eine Kettenverlängerung bei 68°C. Die entstandenen PCR-Produkte wurden in den TA-Cloning Vektor pCRII-TOPO der Fa. InVitrogen kloniert.

In einer zweiten PCR wurden 5 µl K562 Marathon-Ready cDNA mit je 10 pmol der Primer C5A und C3B, 10 pmol dNTP-Mix und 2 U Taq-DNA-Polymerase (Fa. Gibco-BRL)
10 versetzt und in einem Endvolumen von 50 µl eine PCR-Reaktion in 1x PCR-Puffer der Fa. Perkin Elmer durchgeführt. Die PCR-Reaktion erfolgte in 3 Schritten. Zunächst wurde die DNA für 3 min bei 94°C denaturiert. Es folgten 34 Zyklen, bei denen aufeinanderfolgend die DNA für 45 sec bei 94°C denaturiert wurde, anschließend für 1 min bei 68°C die Primeranlagerung erfolgte und danach für 3 min bei 72°C die DNA-Kette verlängert wurde.
15 Im letzten PCR-Schritt wurde für 10 min bei 72°C eine abschließende Kettenverlängerung durchgeführt. Die entstandenen PCR-Produkte wurden in den TA-Cloning Vektor pCR2.1 der Fa. InVitrogen kloniert.

Für die dritte PCR wurde zunächst mit dem cDNA-Synthese-Kit der Fa. Boehringer Mannheim aus 2 µg DNaseI-behandelter Poly A-RNA der humanen prämyeloischen Zelllinie HL60 eine cDNA-Synthese entsprechend den Angaben der Hersteller durchgeführt. In einem Endvolumen von 50 µl wurde anschließend 1 µl dieser HL60-cDNA mit je 10 pmol
20 der Primer GSP1vor und HTRT3A sowie 10 pmol dNTP-Mix gemischt und nach Zusatz von 1,25 µl DMSO in 1 x Klen Taq PCR-Reaktionspuffer und 1 x Advantage Klen Taq
25 Polymerase Mix (Fa. Clontech) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Die PCR-Reaktion verlief in 3 Schritten. Nach einer Denaturierung für 3 min bei 94°C wurde über 37 Zyklen die DNA zunächst für 1 min bei 94°C denaturiert und anschließend für 4 min bei 68°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert. Abschließend erfolgte noch eine Inkubation für 10 min bei 68°C. Die PCR-Produkte wurden in den TA-Cloning Vektor pCR 2.1-TOPO
30 kloniert.

Die vollständige Doppelstrangsequenzierung der aus PCR 1 und 2 klonierten hTC-cDNA-Fragmente sowie die partielle Sequenzierung der aus PCR 3 erhaltenen hTC-cDNA-Fragmente zeigte, daß zusätzlich zu der in Fig. 1 dargestellten hTC-cDNA 4 Varianten dieser cDNA in humanen Zellen existieren:

5

Variante 1 der humanen hTC-cDNA zeichnet sich durch eine 182 bp lange Deletion der Nukleotide 2345 bis 2526 aus. Durch diese Deletion kommt es zu einer Verschiebung im ORF und es wird ein verkürztes hTC-Protein abgelesen, dem die RT-Motive 4 bis 7 fehlen.

10

Variante 2 der humanen hTC-cDNA weist eine 36 bp lange Deletion der Nukleotide 2184 bis 2219 auf. Durch diese Deletion geht das RT-Motiv 3 verloren. Der Leserahmen bleibt jedoch erhalten und es wird ein Protein hergestellt, dem selektiv das RT-Motiv 3 fehlt.

15

Variante 3 der humanen hTC-cDNA stellt eine Kombination der Varianten 1 und 2 dar. Sie weist sowohl eine Deletion der bp 2184 bis 2219 als auch der bp 2345 bis 2526 auf.

20

Variante 4 der humanen hTC-cDNA zeichnet sich durch den Verlust des Nukleotidbereichs von bp 3219 bis 3842 aus. Diese fehlende Sequenz ist durch eine nicht zu hTC homologe Sequenz ersetzt. Ab bp 3843 ist die Sequenz wieder völlig identisch zu der in Fig. 1 dargestellten hTC-Sequenz. Die Sequenz der Variante 4 ist in Fig. 14 dargestellt. Entsprechend des gewählten 5'-Primers beginnt sie mit bp 1783 der in Fig. 1 dargestellten hTC-cDNA. Der nicht-homologe Bereich ist fett hervorgehoben und stimmt von Position 3219 bis Position 3451 (Fig. 14 und SEQ ID No. 7) auf DNA Ebene zu 98,7% mit einem EST (Accession Nr. AA299878) aus einem humanen Uterustumor überein.

25

Beispiel 12

30

Zur Gewinnung von Antiseren mit Spezifität für die katalytische Untereinheit der humanen Telomerase wurde die vorhandene Nukleotidsequenz (Fig. 1) in eine Aminosäuresequenz übersetzt (Fig. 2). Mit Hilfe eines Programms zur Sekundärstrukturvorhersage (PROTEAN, aus dem Softwarepaket DNASTar, DNASTAR Inc., Madison, WI, USA) wurden zwei Peptide ausgewählt, die mit gewisser Wahrscheinlichkeit eine Immunantwort hervorrufen.

Es handelt sich um folgende Peptide, die im Einbuchstabencode für Aminosäuren dargestellt sind:

- B: C-K-R-V-Q-L-R-E-L-S-E-A-E-V-R-Q - CONH₂ / Pos. 594 - 608
5 C: C-Q-E-T-S-P-L-R-D-A-V-V-I-E-Q-S-S-S-L-N-E - CONH₂ / Pos. 781-800

Die unterstrichenen Cysteine stammen nicht aus der Telomerasesequenz, sondern wurden als Linker für die Kopplung zusätzlich angefügt

- 10 Die Peptide wurden über das Thiol-reaktive Kopplungsreagenz m-Maleimido-benzoyl-N-Hydroxysuccinimidester (MBS) an Keyhole Limpet Hemocyanin (KLH) gekoppelt. Damit wurden je zwei Kaninchen im Abstand von 2 bis 4 Wochen immunisiert. Vor der Immunisierung wurden 5 ml Blut zur Gewinnung von Preimmunseren entnommen. Nach 4 Immunisierungen wurden ebenfalls 5 ml Blut zur Gewinnung von Immunseren entnommen.
15 Diese Seren wurden in einem Western-Blot Experiment (Ausubel *et al.*, 1987) auf Reaktivität mit Fusionsproteinen (Beispiel 13) getestet.

Beispiel 13

- 20 Um das Protein der katalytischen Telomerase-Untereinheit analysieren zu können, wurden bakterielle Expressionversuche durchgeführt.

Die Konstrukte für diese Experimente sind im Folgenden beschrieben:

- 25 Für das Expressionskonstrukt pMalEST wurde das Insert des in Beispiel 2 erwähnten Klons AA281296 mit den Restriktionsenzymen Eco RI und Not I herausgeschnitten, die Schnittstellen mit dem Klenow-Fragment aufgefüllt (Ausubel *et al.*, 1987) und in den vorgegebenen Leserahmen des Maltose bindenden Proteins des bakteriellen Expressionvektors pMAL-C2 (Fa. New England Biolabs) kloniert. Der Vektor pMAL-C2
30 wurde mit dem Restriktionsenzym Pst I verdaut und die überstehenden Einzelstrangenden mit der T4 DNA Polymerase entfernt (Ausubel *et al.*, 1987).

Das Expressionskonstrukt pMalA1 beinhaltet die Nukleotidsequenz der Fig. 1 von Position 1789 bis Position 3908. Dieses DNA-Fragment wurde über PCR mit den Primern C5A (5'-ACCGGAAGAGTGTCTGGAGCAAGTTG-3') und C3B (5'-GCACACCTTTGGTCACTCCAAATTCC-3') aus einer kommerziell erhältlichen K562
5 Marathon-Ready cDNA Library (Fa. Clontech, Katalognummer 7441-1) amplifiziert und in TA-Cloning Vektor pCRII-TOPO der Fa. Invitrogen kloniert. Die PCR-Bedingungen wurden wie im Beispiel 7 beschrieben durchgeführt. Für das Expressionskonstrukt pMalA1 wurde das Insert mit dem Restriktionsenzym Eco RI herausgeschnitten, die Schnittstellen mit dem Klenow-Fragment aufgefüllt (Ausubel *et al.*, 1987) und in den mit dem
10 Restriktionsenzym Xmn I geschnittenen bakteriellen Expressionvektors pMAL-C2 (Fa. New England Biolabs) kloniert.

Die Proteinexpression unter Verwendung dieser Konstrukte erfolgte in dem Bakterienstamm *E. coli* DH5 α . Die Expressionsbedingungen erfolgten wie in der Betriebsanleitung
15 der Fa. New England Biolabs (Katalognummer 800) beschrieben. Die hergestellten bakteriellen Lysate wurden in einem Western-Blot Experiment (Ausubel *et al.*, 1987) getestet.

Beispiel 14

20 Die bakteriellen Lysate aus Beispiel 13 wurden unter Zuhilfenahme der Antiseren aus Beispiel 12 in einem Western Blot (Ausubel *et al.*, 1987) analysiert.

Da der Fusionsanteil für das Maltose bindende Protein etwa 43 kDa groß ist, werden für die Konstrukte pMalEST und pMalA1 Fusionsproteine in der Größe von etwa 74 kDa bzw 106
25 kDa erwartet.

Im Vergleich der Pre-Immunsereen mit den Seren nach der ersten Immunisierung wird ersichtlich, daß spezifische Antikörper gegen die Epitope B und C gebildet wurden (Fig. 16). Darüber hinaus wurden neben den erwarteten 74 kDa, bzw. 106 kDa-Proteinen auch
30 kleinere Proteinfragmente beobachtet, die mit den Antiseren reagieren. Diese kleineren Produkte gehen wahrscheinlich auf vorzeitige zurück.

Auf dem Fusionsprotein aus der Expression mit pMal EST befindet sich nur das Epitop für Serum B. Im Gegensatz dazu befinden sich auf dem Fusionsprotein von pMalA1 die Epitope der Seren B und C. Aus diesem Grunde erkennt das Antiserum C nicht das Expressionsprodukt von pMalEST und lediglich die größeren Proteinfragmente aus den Expressionversuchen mit pMalA1. Diese Beobachtung unterstreicht die hohe Spezifität der generierten Antiseren.

Beispiel 15

Um das Protein der katalytischen Telomerase-Untereinheit analysieren zu können, sollen die Proteinkomponente zusammen mit der RNA-Komponente *in vitro* rekonstituiert werden.

Die Konstrukte für diese Experimente sind im folgenden beschrieben:

Die 504 nt lange RNA Komponente (Feng *et al.*, 1995) wurde mit den Primern HTR9BAM (5'-CGCGGATCCTAATACGACTCACTATAGGGTTGCGGAGGGTGGGCCTG-3') und HTR2BAM (5'-CGCGGATCCCGGCGAGGGGTGACGGATGC-3) aus einer 293 Zell-cDNA-Bibliothek amplifiziert. Der Primer HTR9BAM beinhaltet von Nukleotid 10 bis 29 einen T7 Promotor. In der PCR wurden in einem Endvolumen von 100 µl 3 µl cDNA aus 293-Zellen mit 10 pmol dNTP-Mix versetzt und in 1 x PCR-Reaktionspuffer mit 0,5 µl Taq-Polymerase (Fa. Gibco) eine PCR-Reaktion durchgeführt. Je 10 pmol der Primer HTR9BAM und HTR2BAM wurden zugefügt. Die PCR wurde in 3 Schritten durchgeführt. An eine zehnminütige Denaturierung bei 94°C schlossen sich 35 PCR-Zyklen an, in denen die DNA zunächst für eine Minute bei 94°C denaturiert wurde und anschließend für 2 min bei 62°C die Primer angelagert und die DNA-Kette verlängert wurde. Zum Abschluß folgte für 4 min eine Kettenverlängerung bei 72°C. Die entstandenen PCR-Produkte wurden nach einem Restriktionsverdau mit Bam HI in die Bam HI-Schnittstelle des Vektor pUC19 kloniert, so daß die RNA Komponente unter Kontrolle des T7-Promotors steht. Dieses Konstrukt wird im folgenden als HTR504 bezeichnet.

Das 3411 bp lange cDNA Fragment (Position 60 bis Position 3470, Fig. 1) wurde in den Vektor PCRII TOPO (Fa. Invitrogen) kloniert. Detailliertere Angaben zur Klonierung sind

in Beispiel 8 und 7, bzw. in Fig. 12 beschrieben. In diesem als HTC FL bezeichneten Konstrukt liegt der T7 Promotor 5' vor der hTC cDNA.

5 Die Synthese der katalytischen Telomerase-Proteinkomponente erfolgte nach Zugabe des hTC FL-Konstruktes in einem kommerziell erhältlichen Transkriptions/Translation-System nach Angaben des Herstellers (Fa. Promega; Katalognummer L4610). Die erfolgreiche *in vitro* Translation des erwarteten 127 kDa Produktes wurde mittels ³⁵S-markiertem Cystein in einer SDS-PAGE (Ausubel *et al.*, 1987) kontrolliert (Fig. 17).

10 Die Synthese der Telomerase-RNA-Komponente erfolgte mit einem Transkriptions-System nach Angaben des Herstellers (Fa. Ambion; Katalognummer 1344) oder nach der von Pokrovskaya und Gurevich (1994) beschriebenen Methode.

15 Für die *in vitro* Rekonstitution wurden 50 µl des oben beschriebenen Translations-Ansatzes mit dem hTC FL-Konstrukt mit 0,5 µg hTRNA versetzt und 10 min bei 37°C inkubiert. 2 µl dieser Mischung wurden auf ihre enzymatische Aktivität mit Hilfe des TRAP-Assays untersucht (N.W. Kim *et al.*, 1994). Als Positivkontrolle diente eine Aktivitätsmessung nach gleicher Methode von aus HeLa-Zellen gereinigter Telomerase (Shay *et al.*, 1994). Wie in Fig. 18 zu sehen, erzeugen sowohl das rekonstituierte Enzym als auch das native Enzym das gleiche Produktmuster, die für die Telomerase charakteristische Nukleotidleiter. Mit diesem
20 Ergebnis wurde darüberhinaus belegt, daß eine einzige Proteinkomponente zusammen mit der RNA für die enzymatische Telomeraseaktivität ausreichend ist.

25 Zusätzlich zu dem beschriebenen TRAP-Assay wurden 5 µl der Rekonstitutionsmischung im direkten Telomerase-Assay (Shay *et al.*, 1994) auf ihre Aktivität geprüft. Auch in diesem Experiment belegt die charakteristische Nukleotidleiter die erfolgreiche Rekonstitution von rekombinantem hTC Protein und Telomerase-RNA-Komponente.

30 Zusammenfassend konnte hiermit auf funktioneller Ebene gezeigt werden, daß die identifizierte und vollständig klonierte hTC cDNA die katalytische Untereinheit der humanen Telomerase darstellt.

Literaturverzeichnis

- 5 Adams, M.D., Dubnick, M., Kerlavage, A.R., Moreno, R., Kelley, J.M., Utterback, T.R., Nagle, J.W.,
Fields, C. und Venter, J.C. (1992). Sequence identification of 2.375 human brain genes. *Nature* 355: 632-
634.
- 10 Allsopp, R. C., Vazire, H., Pattersson, C., Goldstein, S., Younglai, E.V., Futcher, A.B., Greider, C.W.
und Harley, C.B. (1992). Telomere length predicts replicative capacity of human fibroblasts. *Proc. Natl.*
Acad. Sci. 89, 10114-10118.
- Altschul, S. F., Gish, W., Miller, W., Myers, E. W. *et al.* (1990). Basic local alignment search tool. *J.*
Mol. Biol. 215, 403-410.
- 15 Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman, J.G., Smith, J.A., Struhl, K. (1987).
Current protocols in molecular biology. Greene Publishing Associates and Wiley-Intersciences, New York.
- Blasco, M. A., Rizen, M., Greider, C. W. und Hanahan, D. (1996). Differential regulation of telomerase
activity and telomerase RNA during multistage tumorigenesis. *Nature Genetics* 12, 200-204.
- 20 Broccoli, D., Young, J. W. und deLange, T. (1995). Telomerase activity in normal and malignant
hematopoietic cells. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 92, 9082-9086.
- Collins, K., Kobayashi, R. und Greider, C. W. (1995). Purification of Tetrahymena telomerase and
cloning of genes encoding the two protein components of the enzyme. *Cell* 81, 677-686.
- 25 Counter, C. M., Avilion, A. A., LeFeuvre, C. E., Stewart, N. G. Greider, C.W. Harley, C. B. und
Bacchetti S. (1992). Telomere shortening associated with chromosome instability is arrested in immortal
cells which express telomerase activity. *EMBO J.* 11, 1921-1929.
- 30 Counter, C. M., Gupta, J., Harley, C. B., Leber, B. und Baccetti, S. (1995). Telomerase activity in
normal leukocytes and in hematologic malignancies. *Blood* 85, 2315-2320.
- Feng, J., Funk, W. D., Wang, S.-S., Weinrich, S. L., Avilion, A.A., Chiu, C.-P., Adams, R.R., Chang,
E., Allsopp, R.C., Yu, J., Le, S., West, M.D., Harley, C.B., Andrews, W.H., Greider, C.W. und
35 Villeponteau, B. (1995). The RNA component of human telomerase. *Science* 269, 1236-1241.
- Gerhold, D. und Caskey, T. (1996). It's the genes! EST access to human genome content. *BioEssays* 18,
973-981.

- Goldstein, S. (1990). Replicative senescence: The human fibroblast comes of age. *Science* 249, 1129-1133.
- Greider, C. W. und Blackburn, E. H. (1985). Identification of a specific telomere terminal transferase activity in *Tetrahymena* extracts. *Cell* 43, 405-413.
- Greider, C. W. und Blackburn, E. H. (1987). The telomere terminal transferase of *Tetrahymena* is a ribonucleoprotein enzyme with two kinds of primer specificity. *Cell* 51, 887-898.
- Greider, C. W. und Blackburn, E. H. (1989). A telomeric sequence in the RNA of *Tetrahymena* telomerase required for telomere repeat synthesis. *Nature* 337, 331-337.
- Harley, C. B., Futcher, A. B. und Greider, C. W. (1990). Telomeres shorten during ageing of human fibroblasts. *Nature* 345, 458-460.
- Harrington, L., McPhail, T., Mar, V., Zhou, W., Oulton, R., Amgen EST Program, Bass, M.B., Arruda, I. und Robinson, M.O. (1997). A mammalian telomerase-associated protein. *Science* 275: 973-977.
- Hastie, N. D., Dempster, M., Dunlop, M. G., Thompson, A. M., Green, D.K. und Allshire, R.C. (1990). Telomere reduction in human colorectal carcinoma and with ageing. *Nature* 346, 866-868.
- Hiyama, K., Hirai, Y., Kyoizumi, S., Akiyama, M., Hiyama, E., Piatyszek, M.A., Shay, J.W., Ishioka, S. und Yamakido, M. (1995). Activation of telomerase in human lymphocytes and hematopoietic progenitor cells. *J. Immunol.* 155, 3711-3715.
- Kim, N.W., Piatyszek, M.A., Prowse, K.R., Harley, C. B., West, M.D., Ho, P.L.C., Coviello, G.M., Wright, W.E., Weinrich, S.L. und Shay, J.W. (1994). Specific association of human telomerase activity with immortal cells and cancer. *Science* 266, 2011-2015.
- Lingner, J., Hughes, T.R., Shevchenko, A., Mann, M., Lundblad, V. und Cech T.R. (1997). Reverse transcriptase motifs in the catalytic subunit of telomerase. *Science* 276: 561-567.
- Lundblad, V. und Szostak, J. W. (1989). A mutant with a defect in telomere elongation leads to senescence in yeast. *Cell* 57, 633-643.
- McClintock, B. (1941). The stability of broken ends of chromosomes in *Zea mays*. *Genetics* 26, 234-282.

- Meyne, J., Ratliff, R. L. und Moyzis, R. K. (1989). Conservation of the human telomere sequence (TTAGGG)_n among vertebrates. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 86, 7049-7053.
- Okubo, K., Hori, N., Matoba, R., Niiyama, T., Fukushima, A., Kojima, Y. and Matsubra, K. (1992). Large scale cDNA sequencing for analysis of quantitative and qualitative aspects of gene expression. *Nature Genetics* 2: 173-179.
- Olovnikov, A. M. (1973). A theory of marginotomy. *J. Theor. Biol.* 41, 181-190.
- Poch, O., Sauvaget, I., Delarue, M. und Tordo, N. (1989). Identification of four conserved motifs among the RNA-dependent polymerase encoding elements. *EMBO J.* 8: 3867-3874.
- Pokrovskaya, I.D. and Gurevich, V.V. (1994). *In vitro* transcription: Preparative RNA yields in analytical scale reactions. *Analytical Biochemistry* 220, 420-423.
- Prowse, K. R., Avilion, A. A. und Greider, C. W. (1993). Identification of a nonprocessive telomerase activity from mouse cells. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 90, 1493-1497.
- Sandell, L. L. und Zakian, V. A. (1993). Loss of a yeast telomere: Arrest, recovery and chromosome loss. *Cell* 75, 729-739.
- Shampay, J. und Blackburn, E. H. (1988). Generation of telomere-length heterogeneity in *Saccharomyces cerevisiae*. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 85, 534-538.
- Shay, J. W., Brasiskyte, D., Ouellette, M., Piatyszcz, M.A., Werbin, H., Ying, Y. and Wright, E.W. (1994). Analysis of telomerase and telomeres. *Methods of Molecular Genetics* 5, 263-280.
- Shay, J. W. (1997). Telomerase and Cancer. *Ciba Foundation Meeting: Telomeres and Telomerase*. London.
- Singer, M. S. und Gottschling, D. E. (1994). *TLCl*: Template RNA Component of *Saccharomyces cerevisiae* Telomerase. *Science* 266, 404-409.
- Vaziri, H., Dragowska, W., Allsopp, R. C., Thomas, T. E., Harley, C.B. und Landsdorp, P.M. (1994). Evidence for a mitotic clock in human hematopoietic stem cells: Loss of telomeric DNA with age. *Proc. Natl. Acad. Sci.* 91, 9857-9860.
- Xiong, Y. und Eickbush, T.H. (1990). Origin and evolution of retroelements based upon their reverse transcriptase sequences. *EMBO J.* 9: 3353-3362.

Yu, G.-L., Bradley, J. D., Attardi, L. D. und Blackburn, E. H. (1990). *In vivo* alteration of telomere sequences and senescence caused by mutated *Tetrahymena* telomerase RNAs. Nature 344, 126-132.

- 5 Zakian, V. A. (1995). Telomeres: Beginning to understand the end. Science 270, 1601-1607.

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALLGEMEINE ANGABEN:

(i) ANMELDER:

- (A) NAME: Bayer AG
- (B) STRASSE: Bayerwerk
- (C) ORT: Leverkusen
- (E) LAND: Deutschland
- (F) POSTLEITZAHL: D-51368
- (G) TELEFON: 0214-303688
- (H) TELEFAX: 0214-303482

(ii) BEZEICHNUNG DER ERFINDUNG: Humane katalytische Telomerase-Untereinheit
und deren diagnostische und therapeutische Verwendung

(iii) ANZAHL DER SEQUENZEN: 7

(iv) COMPUTER-LESBARE FASSUNG:

- (A) DATENTRÄGER: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.30B (EPA)

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 1:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 4042 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

GTTTCAGGCA GCGCTGCGTC CTGCTGCGCA CGTGGGAAGC CCTGGCCCCG GCCACCCCCG	60
CGATGCCGCG CGCTCCCCGC TGCCGAGCCG TGCCTCCCT GCTGCGCAGC CACTACCGCG	120
AGGTGCTGCC GCTGGCCACG TTCGTGCGGC GCCTGGGGCC CCAGGGCTGG CGGCTGGTGC	180
AGCGCGGGGA CCCGGCGGCT TTCCGCGCGC TGGTGGCCCA GTGCCTGGTG TGCCTGCCCT	240
GGGACGCACG GCCGCCCCC GCCGCCCCCT CCTTCCGCCA GGTGTCTTGC CTGAAGGAGC	300
TGGTGGCCCC AGTGCTGCAG AGGCTGTGCG AGCGCGGCGC GAAGAAGTG CTGGCCTTCG	360
GCTTCGCGCT GCTGGACGGG GCGCGGGG GCGCCCCGA GGCCTTCACC ACCAGCGTGC	420

GCAGCTACCT GCCCAACACG GTGACCGACG CACTGCGGGG GAGCGGGGCG TGGGGGCTGC 480
TGCTGCGCCG CGTGGGCGAC GACGTGCTGG TTCACCTGCT GGCACGCTGC GCGCTCTTTG 540
TGCTGGTGGC TCCCAGCTGC GCCTACCAGG TGTGCGGGCC GCCGCTGTAC CAGCTCGGCG 600
CTGCCACTCA GGCCCGGCCC CCGCCACACG CTAGTGGACC CCGAAGGCGT CTGGGATGCG 660
AACGGGCGCTG GAACCATAGC GTCAGGGAGG CCGGGGTCCC CCTGGGCGCTG CCAGCCCCGG 720
GTGCGAGGAG GCGCGGGGGC AGTGCCAGCC GAAGTCTGCC GTTGCCCAAG AGGCCCAGGC 780
GTGGCGCTGC CCCTGAGCCG GAGCGGACGC CCGTTGGGCA GGGGTCTTGG GCCCACCCGG 840
GCAGGACGCG TGGACCGAGT GACCGTGGTT TCTGTGTGGT GTCACCTGCC AGACCCGCGG 900
AAGAAGCCAC CTCTTTGGAG GGTGCGCTCT CTGGCACGCG CCACTCCAC CCATCCGTGG 960
GCCGCCAGCA CCACGCGGGC CCCCCATCCA CATCGCGGCC ACCACGTCCC TGGGACACGC 1020
CTTGTCCCCC GGTGTACGCC GAGACCAAGC ACTTCCTCTA CTCCTCAGGC GACAAGGAGC 1080
AGCTGCGGCC CTCCTTCCTA CTCAGCTCTC TGAGGCCAG CCTGACTGGC GCTCGGAGGC 1140
TCGTGGAGAC CATCTTTCTG GGTCCAGGC CCTGGATGCC AGGGACTCCC CGCAGGTTGC 1200
CCCGCCTGCC CCAGCGCTAC TGGCAAATGC GGCCCCTGTT TCTGGAGCTG CTTGGGAACC 1260
ACGCGCAGTG CCCCTACGGG GTGCTCCTCA AGACGCACTG CCCGCTGCGA GCTGCGGTCA 1320
CCCCAGCAGC CGGTGTCTGT GCGCGGAGAG AGCCCCAGGG CTCTGTGGCG GCGCCGAGG 1380
AGGAGGACAC AGACCCCCGT CGCCTGGTGC AGCTGCTCCG CCAGCACAGC AGCCCCTGGC 1440
AGGTGTACGG CTTCGTGCGG GCCTGCCTGC GCGGGCTGGT GCGCCGAGGC CTCTGGGGCT 1500
CCAGGCACAA CGAACCCGC TTCCTCAGGA ACACCAAGAA GTTCATCTCC CTGGGGAAGC 1560
ATGCCAAGCT CTCGCTGCAG GAGCTGACGT GGAAGATGAG CGTGCGGGAC TCGCTTGGC 1620
TGCGCAGGAG CCCAGGGGTT GGCTGTGTTT CCGCCGAGAG GCACCGTCTG CGTGAGGAGA 1680
TCCTGGCCAA GTTCCTGCAC TGGCTGATGA GTGTGTACGT CGTCGAGCTG CTCAGGTCTT 1740
TCTTTTATGT CACGGAGACC ACGTTTCAAA AGAACAGGCT CTTTTTCTAC CGGAAGAGTG 1800
TCTGGAGCAA GTTGCAAAGC ATTGGAATCA GACAGCACTT GAAGAGGGTG CAGCTGCGGG 1860
AGCTGTCCGA AGCAGAGGTC AGGCAGCATC GGAAGCCAG GCGCGCCCTG CTGACGTCCA 1920
GACTCCGCTT CATCCCCAAG CCTGACGGGC TCGGCGCGAT TGTGAACATG GACTACGTCTG 1980
TGGGAGCCAG AACGTCCGC AGAGAAAAGA GGGCCGAGCG TCTCACCTCG AGGGTGAAGG 2040
CACTGTTTCTG CGTGCTCAAC TACGAGCGGG CCGCGCGCCC CGGCCTCCTG GCGCCTCTG 2100
TGCTGGGCCT GGACGATATC CACAGGGCCT GCGCACCTT CGTGCTGCGT GTGCGGGCCC 2160
AGGACCCGCC GCCTGAGCTG TACTTTGTCA AGGTGGATGT GACGGGCGCG TACGACACCA 2220

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 2:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÄNGE: 1132 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

```

Met  Pro  Arg  Ala  Pro  Arg  Cys  Arg  Ala  Val  Arg  Ser  Leu  Leu  Arg  Ser
1              5              10              15

His  Tyr  Arg  Glu  Val  Leu  Pro  Leu  Ala  Thr  Phe  Val  Arg  Arg  Leu  Gly
20              25              30

Pro  Gln  Gly  Trp  Arg  Leu  Val  Gln  Arg  Gly  Asp  Pro  Ala  Ala  Phe  Arg
35              40              45

Ala  Leu  Val  Ala  Gln  Cys  Leu  Val  Cys  Val  Pro  Trp  Asp  Ala  Arg  Pro
50              55              60

Pro  Pro  Ala  Ala  Pro  Ser  Phe  Arg  Gln  Val  Ser  Cys  Leu  Lys  Glu  Leu
65              70              75              80

Val  Ala  Arg  Val  Leu  Gln  Arg  Leu  Cys  Glu  Arg  Gly  Ala  Lys  Asn  Val
85              90              95

Leu  Ala  Phe  Gly  Phe  Ala  Leu  Leu  Asp  Gly  Ala  Arg  Gly  Gly  Pro  Pro
100             105             110

Glu  Ala  Phe  Thr  Thr  Ser  Val  Arg  Ser  Tyr  Leu  Pro  Asn  Thr  Val  Thr
115             120             125

Asp  Ala  Leu  Arg  Gly  Ser  Gly  Ala  Trp  Gly  Leu  Leu  Leu  Arg  Arg  Val
130             135             140

Gly  Asp  Asp  Val  Leu  Val  His  Leu  Leu  Ala  Arg  Cys  Ala  Leu  Phe  Val
145             150             155             160

Leu  Val  Ala  Pro  Ser  Cys  Ala  Tyr  Gln  Val  Cys  Gly  Pro  Pro  Leu  Tyr
165             170             175

Gln  Leu  Gly  Ala  Ala  Thr  Gln  Ala  Arg  Pro  Pro  Pro  His  Ala  Ser  Gly
180             185             190

Pro  Arg  Arg  Arg  Leu  Gly  Cys  Glu  Arg  Ala  Trp  Asn  His  Ser  Val  Arg
195             200             205

Glu  Ala  Gly  Val  Pro  Leu  Gly  Leu  Pro  Ala  Pro  Gly  Ala  Arg  Arg

```

- 48 -

210	215	220
Gly Gly Ser Ala Ser Arg Ser Leu Pro Leu Pro Lys Arg Pro Arg Arg		
225	230	235 240
Gly Ala Ala Pro Glu Pro Glu Arg Thr Pro Val Gly Gln Gly Ser Trp		
	245	250 255
Ala His Pro Gly Arg Thr Arg Gly Pro Ser Asp Arg Gly Phe Cys Val		
	260	265 270
Val Ser Pro Ala Arg Pro Ala Glu Glu Ala Thr Ser Leu Glu Gly Ala		
	275	280 285
Leu Ser Gly Thr Arg His Ser His Pro Ser Val Gly Arg Gln His His		
	290	295 300
Ala Gly Pro Pro Ser Thr Ser Arg Pro Pro Arg Pro Trp Asp Thr Pro		
305	310	315 320
Cys Pro Pro Val Tyr Ala Glu Thr Lys His Phe Leu Tyr Ser Ser Gly		
	325	330 335
Asp Lys Glu Gln Leu Arg Pro Ser Phe Leu Leu Ser Ser Leu Arg Pro		
	340	345 350
Ser Leu Thr Gly Ala Arg Arg Leu Val Glu Thr Ile Phe Leu Gly Ser		
	355	360 365
Arg Pro Trp Met Pro Gly Thr Pro Arg Arg Leu Pro Arg Leu Pro Gln		
	370	375 380
Arg Tyr Trp Gln Met Arg Pro Leu Phe Leu Glu Leu Leu Gly Asn His		
385	390	395 400
Ala Gln Cys Pro Tyr Gly Val Leu Leu Lys Thr His Cys Pro Leu Arg		
	405	410 415
Ala Ala Val Thr Pro Ala Ala Gly Val Cys Ala Arg Glu Lys Pro Gln		
	420	425 430
Gly Ser Val Ala Ala Pro Glu Glu Glu Asp Thr Asp Pro Arg Arg Leu		
	435	440 445
Val Gln Leu Leu Arg Gln His Ser Ser Pro Trp Gln Val Tyr Gly Phe		
	450	455 460
Val Arg Ala Cys Leu Arg Arg Leu Val Pro Pro Gly Leu Trp Gly Ser		
465	470	475 480
Arg His Asn Glu Arg Arg Phe Leu Arg Asn Thr Lys Lys Phe Ile Ser		
	485	490 495
Leu Gly Lys His Ala Lys Leu Ser Leu Gln Glu Leu Thr Trp Lys Met		
	500	505 510
Ser Val Arg Asp Cys Ala Trp Leu Arg Arg Ser Pro Gly Val Gly Cys		
	515	520 525
Val Pro Ala Ala Glu His Arg Leu Arg Glu Glu Ile Leu Ala Lys Phe		
	530	535 540

Leu His Trp Leu Met Ser Val Tyr Val Val Glu Leu Leu Arg Ser Phe
 545 550 555 560
 Phe Tyr Val Thr Glu Thr Thr Phe Gln Lys Asn Arg Leu Phe Phe Tyr
 565 570 575
 Arg Lys Ser Val Trp Ser Lys Leu Gln Ser Ile Gly Ile Arg Gln His
 580 585 590
 Leu Lys Arg Val Gln Leu Arg Glu Leu Ser Glu Ala Glu Val Arg Gln
 595 600 605
 His Arg Glu Ala Arg Pro Ala Leu Leu Thr Ser Arg Leu Arg Phe Ile
 610 615 620
 Pro Lys Pro Asp Gly Leu Arg Pro Ile Val Asn Met Asp Tyr Val Val
 625 630 635 640
 Gly Ala Arg Thr Phe Arg Arg Glu Lys Arg Ala Glu Arg Leu Thr Ser
 645 650 655
 Arg Val Lys Ala Leu Phe Ser Val Leu Asn Tyr Glu Arg Ala Arg Arg
 660 665 670
 Pro Gly Leu Leu Gly Ala Ser Val Leu Gly Leu Asp Asp Ile His Arg
 675 680 685
 Ala Trp Arg Thr Phe Val Leu Arg Val Arg Ala Gln Asp Pro Pro Pro
 690 695 700
 Glu Leu Tyr Phe Val Lys Val Asp Val Thr Gly Ala Tyr Asp Thr Ile
 705 710 715 720
 Pro Gln Asp Arg Leu Thr Glu Val Ile Ala Ser Ile Ile Lys Pro Gln
 725 730 735
 Asn Thr Tyr Cys Val Arg Arg Tyr Ala Val Val Gln Lys Ala Ala His
 740 745 750
 Gly His Val Arg Lys Ala Phe Lys Ser His Val Ser Thr Leu Thr Asp
 755 760 765
 Leu Gln Pro Tyr Met Arg Gln Phe Val Ala His Leu Gln Glu Thr Ser
 770 775 780
 Pro Leu Arg Asp Ala Val Val Ile Glu Gln Ser Ser Ser Leu Asn Glu
 785 790 795 800
 Ala Ser Ser Gly Leu Phe Asp Val Phe Leu Arg Phe Met Cys His His
 805 810 815
 Ala Val Arg Ile Arg Gly Lys Ser Tyr Val Gln Cys Gln Gly Ile Pro
 820 825 830
 Gln Gly Ser Ile Leu Ser Thr Leu Leu Cys Ser Leu Cys Tyr Gly Asp
 835 840 845
 Met Glu Asn Lys Leu Phe Ala Gly Ile Arg Arg Asp Gly Leu Leu Leu
 850 855 860

- 50 -

```

Arg Leu Val Asp Asp Phe Leu Leu Val Thr Pro His Leu Thr His Ala
865                      870                      875                      880

Lys Thr Phe Leu Arg Thr Leu Val Arg Gly Val Pro Glu Tyr Gly Cys
                        885                      890                      895

Val Val Asn Leu Arg Lys Thr Val Val Asn Phe Pro Val Glu Asp Glu
                        900                      905                      910

Ala Leu Gly Gly Thr Ala Phe Val Gln Met Pro Ala His Gly Leu Phe
                        915                      920                      925

Pro Trp Cys Gly Leu Leu Leu Asp Thr Arg Thr Leu Glu Val Gln Ser
                        930                      935                      940

Asp Tyr Ser Ser Tyr Ala Arg Thr Ser Ile Arg Ala Ser Leu Thr Phe
                        945                      950                      955                      960

Asn Arg Gly Phe Lys Ala Gly Arg Asn Met Arg Arg Lys Leu Phe Gly
                        965                      970                      975

Val Leu Arg Leu Lys Cys His Ser Leu Phe Leu Asp Leu Gln Val Asn
                        980                      985                      990

Ser Leu Gln Thr Val Cys Thr Asn Ile Tyr Lys Ile Leu Leu Leu Gln
                        995                      1000                      1005

Ala Tyr Arg Phe His Ala Cys Val Leu Gln Leu Pro Phe His Gln Gln
                        1010                      1015                      1020

Val Trp Lys Asn Pro Thr Phe Phe Leu Arg Val Ile Ser Asp Thr Ala
                        1025                      1030                      1035                      1040

Ser Leu Cys Tyr Ser Ile Leu Lys Ala Lys Asn Ala Gly Met Ser Leu
                        1045                      1050                      1055

Gly Ala Lys Gly Ala Ala Gly Pro Leu Pro Ser Glu Ala Val Gln Trp
                        1060                      1065                      1070

Leu Cys His Gln Ala Phe Leu Leu Lys Leu Thr Arg His Arg Val Thr
                        1075                      1080                      1085

Tyr Val Pro Leu Leu Gly Ser Leu Arg Thr Ala Gln Thr Gln Leu Ser
                        1090                      1095                      1100

Arg Lys Leu Pro Gly Thr Thr Leu Thr Ala Leu Glu Ala Ala Ala Asn
                        1105                      1110                      1115                      1120

Pro Ala Leu Pro Ser Asp Phe Lys Thr Ile Leu Asp
                        1125                      1130

```

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 3:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÖNGE: 1153 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:
(C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

GTGCCTGCAG AGACCCGTCT GGTGCACTCT GATTCTCCAC TTGCCTGTTG CATGTCCTCG	60
TTCCCTTGTT TCTCACCACC TCTTGGGTTG CCATGTGCGT TTCCTGCCGA GTGTGTGTTG	120
ATCCTCTCGT TGCCTCCTGG TCACTGGGCA TTTGCTTTTA TTTCTCTTTG CTTAGTGTTA	180
CCCCCTGATC TTTTATTGT CGTTGTTGC TTTGTTTAT TGAGACAGTC TCACTCTGTC	240
ACCCAGGCTG GAGTGTAATG GCACAATCTC GGCTCACTGC AACCTCTGCC TCCTCGGTTC	300
AAGCAGTTCT CATTCCTCAA CCTCATGAGT AGCTGGGATT ACAGGCGCCC ACCACCACGC	360
CTGGCTAATT TTTGTATTTT TAGTAGAGAT AGGCTTTCAC CATGTTGGCC AGGCTGGTCT	420
CAAACCTCTG ACCTCAAGTG ATCTGCCCGC CTTGGCCTCC CACAGTGCTG GGATTACAGG	480
TGCAAGCCAC CGTGCCCGGC ATACCTTGAT CTTTAAAT GAAGTCTGAA ACATTGCTAC	540
CCTTGTCCTG AGCAATAAGA CCCTTAGTGT ATTTTAGCTC TGGCCACCCC CCAGCCTGTG	600
TGCTGTTTTT CCTGCTGACT TAGTCTATC TCAGGCATCT TGACACCCCC ACAAGCTAAG	660
CATTATTAAT ATTGTTTCC GTGTGAGTG TTTCTTAGC TTTGCCCCG CCCTGCTTTT	720
CCTCCTTTGT TCCCCGTCTG TCTTCTGTCT CAGGCCCGCC GTCTGGGGTC CCCTCCTTG	780
TCCTTTGCGT GGTCTCTCTG TCTTGTTATT GCTGGTAAAC CCCAGCTTTA CCTGTGCTGG	840
CCTCCATGGC ATCTAGCGAC GTCCGGGGAC CTCTGCTTAT GATGCACAGA TGAAGATGTG	900
GAGACTCAG AGGAGGGCGG TCATCTTGGC CCGTGAGTGT CTGGAGCACC ACGTGGCCAG	960
CGTTCCTTAG CCAGGGTTGG CTGTGTTCCG GCCGCAGAGC ACCGTCTGCG TGAGGAGATC	1020
CTGGCCAAGT TCCTGCACTG GCTGATGAGT GTGTACGTCG TCGAGCTGCT CAGGTCTTTC	1080
TTTTATGTCA CGGAGACCAC GTTCAAAAG AACAGGCTCT TTTTCTACCG GAAGAGTGTC	1140
TGGAGCAAGT TGC	1153

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 4:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:
(A) LÖNGE: 412 Basenpaare
(B) ART: Nucleotid
(C) STRANGFORM: Einzelstrang
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

```

CAGAGCCCTG GTCCTCCTGT CTCCATCGTC ACGTGGGCAC ACGTGGCTTT TCGCTCAGGA      60
CGTCGAGTGG ACACGGTGAT CTCTGCCTCT GCTCTCCCTC CTGTCCAGTT TGCATAAACT      120
TACGAGGTTT ACCTTCACGT TTTGATGGAC ACGCGGTTTC CAGGCACCGA GGCCAGAGCA      180
GTGAACAGAG GAGGCTGGGC GCGGCAGTGG AGCCGGGTTG CCGGCAATGG GGAGAAGTGT      240
CTGGAAGCAC AGACGCTCTG GCGAGGGTGC CTGCAGAGAC CCGCCTGGTG CACTCTGATT      300
CTCCACTTGC CTGTTGCATG TCCTCGTTCC CTTGTTTCTC ACCACCTCTT GGTTGCCAT      360
GTGCGTTTCC TGCCGAGTGT GTGTTGATCC TCTCGTTGCC TCCTGGTCAC TG              412

```

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 5:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

(A) LÖNGE: 1012 Basenpaare

(B) ART: Nucleotid

(C) STRANGFORM: Einzelstrang

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

(C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

```

GGGGTCCTGG GCCACCCCGG GCAGGACGCG TGGACCGAGT GACCGTGGTT TCTGTGTGGT      60
GTCACCTGCC AGACCCGCCG AAGAAGCCAC CTCTTTGGAG GGTGCGCTCT CTGGCAGCGG      120
CCACTCCCAC CCATCCGTGG GCCGCCAGCA CCACGCGGGC CCCCATCCA CATCGCGGCC      180
ACCACGTCCC TGGGACACGC CTTGTCCCCC GGTGTACGCC GAGACCAAGC ACTTCCTCTA      240
CTCCTCAGGC GACAAGGAGC AGTGCGGGC CTCCTTCCTA CTCAGCTCTC TGAGGCCAG      300
CCTGACTGGC GCTCGGAGGC TCGTGGAGAC CATCTTTCTG GGTTCAGGC CCTGGATGCC      360
AGGGACTCCC CGCAGGTTGC CCCGCCTGCC CCAGCGCTAC TGGCAAATGC GGCCCTGTT      420
TCTGGAGCTG CTTGGGAACC ACGCGCAGTG CCCCTACGGG GTGCTCCTCA AGACGCACTG      480
CCCGCTGCGA GCTGCGGTCA CCCCAGCAGC CGGTGTCTGT GCGCGGAGA AGCCCCAGGG      540

```

```

CTCTGTGGCG GCCCCGAGG AGGAGGACAC AGACCCCGT CGCCTGGTGC AGCTGCTCCG      600
CCAGCACAGC AGCCCCTGGC AGGTGTACGG CTCGTGCGG GCCTGCCTGC GCCGGCTGGT      660
GCCCCCAGGC CTCTGGGGCT CCAGGCACAA CGAACGCCGC TTCCTCAGGA ACACCAAGAA      720
GTTTCATCTCC CTGGGGAAGC ATGCCAAGCT CTCGTGCGG GAGCTGACGT GGAAGATGAG      780
CGTGCGGGAC TGCCTTGGC TGCAGGAGG CCCAGGTGAG GAGGTGGTGG CCGTCGAGGG      840
CCCAGGCCCC AGAGCTGAAT GCAGTAGGG CTCAGAAAAG GGGGCAGGCA GAGCCCTGGT      900
CCTCCTGTCT CCATCGTCAC GTGGGCACAC GTGGCTTTTC GTCAGGACG TCGAGTGGAC      960
ACGGTGATCT CTGCCTCTGC TCTCCCTCCT GTCCAGTTTG CATAAACTTA CG      1012

```

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 6:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LÖNGE: 3972 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTISENSE: NEIN

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:

- (C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

```

GAATTCGCGG CCGCGTCGAC GTTTCAGGCA GCGCTGCGTC CTGCTGCGCA CGTGGGAAGC      60
CCTGGCCCCG GCCACCCCGG CGATGCCGCG CGTCCCCCGG TGCCGAGCCG TGCCTCCCT      120
GCTGCGCAGC CACTACCGCG AGGTGCTGCC GCTGGCCACG TTCGTGCGGC GCCTGGGGCC      180
CCAGGGCTGG CGGCTGGTGC AGCGCGGGGA CCCGGCGGCT TTCCGCGCGC TGGTGGCCCA      240
GTGCCTGGTG TGCCTGCCCT GGGACGCACG GCCGCCCCCG GCCGCCCCCT CCTTCCGCCA      300
GGTGTCTTGC CTGAAGGAGC TGGTGGCCCG AGTGCTGCAG AGGCTGTGCG AGCGCGGCGC      360
GAAGAACGTG CTGGCCTTCG GCTTCGCGCT GCTGGACGGG GCCCGCGGGG GCCCCCCGA      420
GGCCTTCACC ACCAGCGTGC GCAGTACCT GCCAACACG GTGACCGACG CACTGCGGGG      480
GAGCGGGGCG TGGGGGCTGC TGCTGCGCCG CGTGGGCGAC GACGTGCTGG TTCACCTGCT      540
GGCAGCTGTC GCGCTCTTTG TGCTGGTGGC TCCAGCTGC GCCTACCAGG TGTGCGGGCC      600
GCCGCTGTAC CAGCTCGGCG CTGCCACTCA GGCCCGGCC CCGCCACACG CTAGTGGAAC      660
CCGAAGGCGT CTGGGATGCG AACGGGCCTG GAACCATAGC GTCAGGGAGG CCGGGGTCCC      720

```

CCTGGGCCTG CCAGCCCCGG GTGCGAGGAG GCGCGGGGGC AGTGCCAGCC GAAGTCTGCC	780
GTTGCCCAAG AGGCCCAGGC GTGGCGCTGC CCCTGAGCCG GAGCGGACGC CCGTTGGGCA	840
GGGGTCCTGG GCCCACC CGG GCAGGACGCG TGGACCGAGT GACCGTGGTT TCTGTGTGGT	900
GTCACCTGCC AGACCCGCGG AAGAAGCCAC CTCTTTGGAG GGTGCGCTCT CTGGCACGCG	960
CCACTCCCAC CCATCCGTGG GCCGCCAGCA CCACGCGGGC CCCCCATCCA CATCGCGGCC	1020
ACCACGTCCC TGGGACACGC CTTGTCCCCC GGTGTACGCC GAGACCAAGC ACTTCCTCTA	1080
CTCCTCAGGC GACAAGGAGC AGCTGCGGCC CTCCTTCCTA CTCAGCTCTC TGAGGCCAG	1140
CCTGACTGGC GCTCGGAGGC TCGTGGAGAC CATCTTTCTG GGTTCAGGC CCTGGATGCC	1200
AGGGACTCCC CGCAGGTTGC CCCGCTGCC CCACGCTAC TGGCAAATGC GGCCCCGTGT	1260
TCTGGAGCTG CTTGGGAACC ACGCGCAGTG CCCCTACGGG GTGCTCCTCA AGACGCACTG	1320
CCCGCTGCGA GCTGCGGTCA CCCAGCAGC CGGTGTCTGT GCGCGGAGA AGCCCCAGGG	1380
CTCTGTGGCG GCGCCCGAGG AGGAGGACAC AGACCCCGT CGCCTGGTGC AGCTGCTCCG	1440
CCAGCACAGC AGCCCTGGC AGGTGTACGG CTTGCTGCGG GCCTGCCTGC GCCGGCTGGT	1500
GCCCCCAGGC CTCTGGGGCT CCAGGCACAA CGAACGCCGC TTCCTCAGGA ACACCAAGAA	1560
GTTTCATCTCC CTGGGGAAGC ATGCCAAGCT CTCGCTGCAG GAGCTGACGT GGAAGATGAG	1620
CGTGCGGGAC TGCGCTTGGC TGCGCAGGAG CCCAGGTGAG GAGGTGGTGG CCGTCGAGGG	1680
CCCAGGCCCC AGAGCTGAAT GCAGTAGGGG CTCAGAAAAG GGGGCAGGCA GAGCCCTGGT	1740
CCTCCTGTCT CCATCGTCAC GTGGGCACAC GTGGCTTTTC GCTCAGGACG TCGAGTGGAC	1800
ACGGTGATCT CTGCCTCTGC TCTCCCTCCT GTCCAGTTTG CATAAACTTA CGAGGTTTAC	1860
CTTCACGTTT TGATGGACAC GCGGTTTCCA GCGCGCGAGG CCAGAGCAGT GAACAGAGGA	1920
GGCTGGGCGC GGCAGTGGAG CCGGGTTGCC GGCAATGGGG AGAAGTGTCT GGAAGCACAG	1980
ACGCTCTGGC GAGGGTGCCT GCAGGGGTTG GCTGTGTTCC GGCCGCAGAG CACCGTCTGC	2040
GTGAGGAGAT CCTGGCCAAG TTCCTGCACT GGCTGATGAG TGTGTACGTC GTCGAGCTGC	2100
TCAGGTCTTT CTTTTATGTC ACGGAGACCA CGTTTCAAAA GAACAGGCTC TTTTTCTACC	2160
GGAAGAGTGT CTGGAGCAAG TTGCAAAGCA TTGGAATCAG ACAGCACTTG AAGAGGTGC	2220
AGCTGCGGGA GCTGTCGGA GCAGAGGTCA GGCAGCATCG GGAAGCCAGG CCCGCCCTGC	2280
TGACGTCCAG ACTCCGCTTC ATCCCCAAGC CTGACGGGCT GCGGCCGATT GTGAACATGG	2340
ACTACGTCTG GGGAGCCAGA ACGTTCCGCA GAGAAAAGAG GGTGGCTGTG CTTTGGTTTA	2400
ACTTCCTTTT TAAACAGAAG TGCGTTTGAG CCCACATTT GGTATCAGCT TAGATGAAGG	2460
GCCCGGAGGA GGGGCCACGG GACACAGCCA GGGCCATGGC ACGGCGCCAA CCCATTTGTG	2520

CGCACGGTGA GGTGGCCGAG GTGCCGGTGC CTCCAGAAAA GCAGCGTGGG GGTGTAGGGG	2580
GAGCTCCTGG GGCAGGGACA GGCTCTGAGG ACCACAAGAA GCAGCTGGGC CAGGGCCTGG	2640
ATGCAGCACG GCCCAGCGG GTGGGGGCC ACCACGCCAT TCTGGTCAAA GGTGTTGTAG	2700
TCGTAATAGC CGGCCAGGC GCTCTGAACC TTCAGAGTCT CAAAAGCTGG GACCCTCAGG	2760
GCCAAATGGG GCCACACCTT GTCCTGGAAG AAATCATGGT CCACTTCCAG GTTCGCCGGG	2820
TCCGGTTCTT CCTGCTCAGT GGGGCTACGA CCACCTAGGT AGTTGCTACC TAATCCTTCC	2880
CGGCGAAAAT AGGCTCCACT GGTGTCTGCA ACAAGCGGAG TCTCTAGGCC TGGTCCCTGG	2940
GGGCAGTGCC ACACATACAC ATACCTTTTC CTCGGCTCCA CAGGTAGCTT GGTGCCCTGC	3000
AGGGTGCCAG GCGGCCCTC TCCAACACCA GCCAGTGCTG CGATTTGCGC AGACCAGGCT	3060
CCGGCTGCGT TGATCACAAT GGCGCATTCC ACAGGCTGGT ACTCCAGGCT GCGGTCCATC	3120
TTCACATGGA CTTCATGGAT CCTTTCAAG ACCACCGCTT TGTCTCTGT GGTCAACATG	3180
CGTTGAGATG AAGAGACAAA ACGTGTCACC TCTCCCTGGC AGAAAAGGAC TCCAAGGAC	3240
TGGACCTTTC GCCGAAGCCC CTGGAGCAGA CACCAGGGGT CAAACCAACC TTCGTCCTCC	3300
ATCCCATAAG ACGCCAAAGC CACTCCCTCT GTGTTTATCC AGGGAACTT GTTCCGAAGC	3360
TGATCAGGAG ACATCAGAGA AACTTTGGCT CCCTCCTGCC TCTGCACTTT CACGTTGCTC	3420
TCCATGGCTG CAGCATCCTT TTCTGAAGCC AGCAAGAGGT AGCCCGAGGG GTTGAACCGG	3480
AGGTCCAGGG GAGGAGCATC GACTACGGCC AGGTACTCAT TGATGTTCCG TAGAAAGCTG	3540
GCTGAAAAGA GGGAGAGCTG GATGTTCTCA GGCAATGAGA ACTGCTGACA AATCCCACCT	3600
ACTGAGAGCC CAGTGGAGGC CTGTGAATAC GTGTGGTCCC GTTCCACCAC TAGCACTCGA	3660
ATAGCACCTC GTCTGCTCTC CAGCTTCTTC AGCCAATAGG CCACAGACAA GCCAAGCACC	3720
CCACCTCCCA CGATCACCAC ATCCGAGTGC TCGGGAGGCA GGTGGCTGGT GTCTTGCACT	3780
AGATCACAGG ACCTTCCAGG CAGGATCGAC TTGATCTTCT TCTTAATCTC AGACACCTTT	3840
CCATCCCAGT CCAGAGAAAA GCCTCCTCTG CGCGTGCCTG GCCTCCGGGT CAAGAGGCCC	3900
CGGCCCATGC CGTGCGGCAG AACCTCCGA ATCATAGCCC CTCTGAGCCC GGGTCGACGC	3960
GGCCGCGAAT TC	3972

(2) ANGABEN ZU SEQ ID NO: 7:

(i) SEQUENZKENNZEICHEN:

- (A) LONGE: 2089 Basenpaare
- (B) ART: Nucleotid
- (C) STRANGFORM: Einzelstrang
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: cDNA

(v) ART DES FRAGMENTS: linear

(vi) URSPRÜNGLICHE HERKUNFT:
(C) INDIVIDUUM/ISOLAT: Human

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

CCGGAAGAGT GTCTGGAGCA AGTTGCAAAG CATTGGAATC AGACAGCACT TGAAGAGGGT	60
GCAGCTGCGG GAGCTGTCGG AAGCAGAGGT CAGGCAGCAT CGGGAAGCCA GGCCCGCCCT	120
GCTGACGTCC AGACTCCGCT TCATCCCCAA GCCTGACGGG CTGCGGCCGA TTGTGAACAT	180
GGACTACGTC GTGGGAGCCA GAACGTTCCG CAGAGAAAAG AGGGCCGAGC GTCTCACCTC	240
GAGGGTGAAG GCACTGTTCA GCGTGCTCAA CTACGAGCGG GCGCGGCGCC CCGGCCTCCT	300
GGGCGCCTCT GTGCTGGGCC TGGACGATAT CCACAGGGCC TGGCGCACCT TCGTGCTGCG	360
TGTGCGGGCC CAGGACCCGC CGCCTGAGCT GTACTTTGTC AAGGTGGATG TGACGGGCGC	420
GTACGACACC ATCCCCAGG ACAGGCTCAC GGAGGTCATC GCCAGCATCA TCAAACCCCA	480
GAACACGTAC TGCGTGCGTC GGTATGCCGT GGTCCAGAAG GCCGCCCATG GGCACGTCCG	540
CAAGGCCTTC AAGAGCCACG TCTCTACCTT GACAGACCTC CAGCCGTACA TGCGACAGTT	600
CGTGCTCAC CTGCAGGAGA CCAGCCCGCT GAGGGGTGCC GTCGTCATCG AGCAGAGCTC	660
CTCCCTGAAT GAGGCCAGCA GTGGCCTCTT CGACGTCTTC CTACGCTTCA TGTGCCACCA	720
CGCCGTGCGC ATCAGGGGCA AGTCCTACGT CCAGTGCCAG GGGATCCCGC AGGGCTCCAT	780
CCTCTCCACG CTGCTCTGCA GCCTGTGCTA CGGCGACATG GAGAACAAGC TGTTTGCGGG	840
GATTCGGCGG GACGGGCTGC TCCTGCGTTT GGTGGATGAT TTCTTGTTGG TGACACCTCA	900
CCTCACCCAC GCGAAAACCT TCCTCAGGAC CCTGGTCCGA GGTGTCCCTG AGTATGGCTG	960
CGTGGTGAAC TTGCGGAAGA CAGTGGTGAA CTTCCTGTGA GAAGACGAGG CCCTGGGTGG	1020
CACGGCTTTT GTTCAGATGC CGGCCACGG CCTATTCCCC TGGTGCGGCC TGCTGCTGGA	1080
TACCCGGACC CTGGAGGTGC AGAGCGACTA CTCCAGCTAT GCCCGGACCT CCATCAGAGC	1140
CAGTCTCACC TTCAACCGCG GCTTCAAGGC TGGGAGGAAC ATGCGTCGCA AACTCTTTGG	1200
GGTCTTGCGG CTGAAGTGTC ACAGCCTGTT TCTGGATTTG CAGGTGAACA GCCTCCAGAC	1260
GGTGTGCACC AACATCTACA AGATCCTCCT GCTGCAGGCG TACAGGTTTC ACGCATGCGT	1320
GCTGCAGCTC CCATTTTCATC AGCAAGTTTG GAAGAACCCC ACATTTTTC TGCGCGTCAT	1380
CTCTGACACG GCCTCCCTCT GCTACTCCAT CCTGAAAGCC AAGAACGCAG GTATGTGCAG	1440
GTGCCTGGCC TCAGTGGCAG CAGTGCCTGC CTGCTGGTGT TAGTGTGTCA GGAGACTGAG	1500
TGAATCTGGG CTTAGGAAGT TCTTACCCCT TTTCGCATCA GGAAGTGGTT TAACCCAACC	1560
ACTGTCAGGC TCGTCTGCCC GCCCTCTCGT GGGGTGAGCA GAGCACCTGA TGGAAGGGAC	1620

AGGAGCTGTC TGGGAGCTGC CATCCTTCCC ACCTTGCTCT GCCTGGGGAA GCGCTGGGGG	1680
GCCTGGTCTC TCCTGTTTGC CCCATGGTGG GATTGGGGG GCCTGGCCTC TCCTGTTTGC	1740
CCTGTGGTGG GATTGGGCTG TCTCCCGTCC ATGGCACTTA GGGCCCTTGT GCAAACCCAG	1800
GCCAAGGGCT TAGGAGGAGG CCAGGCCAG GCTACCCAC CCCTCTCAGG AGCAGAGGCC	1860
GCGTATCACC ACGACAGAGC CCCGCGCCGT CCTCTGCTTC CCAGTCACCG TCCTCTGCCC	1920
CTGGACACTT TGTCCAGCAT CAGGGAGGTT TCTGATCCGT CTGAAATTCA AGCCATGTCG	1980
AACCTGCGGT CCTGAGCTTA ACAGCTTCTA CTTTCTGTTC TTTCTGTGTT GTGGAGACCC	2040
TGAGAAGGAC CCTGGGAGCT CTGGGAATTT GGAGTGACCA AAGGTGTGC	2089

Patentansprüche

1. Katalytisch aktive humane Telomerase-Untereinheit, ihre funktionellen Äquivalente, ihre Varianten und ihre katalytisch aktiven Fragmente.
5
2. Telomerase gemäß Anspruch 1, enthaltend die Aminosäuresequenz gemäß Abb. 2 oder deren funktionelle Äquivalente.
3. Nucleinsäuresequenzen codierend für Verbindungen gemäß den Ansprüchen 1 und 2
10 und ihre funktionellen Äquivalente.
4. Nucleinsäuresequenzen gemäß Anspruch 3, enthaltend die DNA-Sequenz aus Abb. 1 oder ihre funktionellen Äquivalente.
- 15 5. Antisense-Nucleinsäuresequenz bindend an die Nucleinsäuresequenz gemäß Anspruch 3 oder 4.
6. Antikörper gegen Telomerase gemäß den Ansprüchen 1 und 2, gegebenenfalls markiert mit einem oder mehreren Markern.
20
7. Verwendung von Nucleinsäuresequenzen gemäß den Ansprüchen 3 und 4 zur Herstellung von Telomerase.
8. Verwendung von Antikörpern gemäß Anspruch 6 zur Diagnose.
25
9. Verwendung von Antikörpern gemäß Anspruch 6 zur Herstellung von Arzneimitteln.
10. Vektor enthaltend eine Nucleinsäuresequenz, insbesondere DNA, gemäß Anspruch
30 3 und 4.
11. Mikroorganismen enthaltend den Vektor gemäß Anspruch 10.

12. Screening Assay zur Auffindung von Modulatoren der humanen Telomerase enthaltend die Telomerase gemäß den Ansprüchen 1 und 2.
- 5 13. Verfahren zur Herstellung der Telomerase gemäß den Ansprüchen 1 und 2, dadurch gekennzeichnet, daß man den Mikroorganismus gemäß Anspruch 11 kultiviert und die Telomerase isoliert.

Fig. 1

- 1 / 15 -

GTTCAGGCA	GCGCTGCGTC	CTGCTGCGCA	CGTGGGAAGC	CCTGGCCCCG	GCCACCCCCG	CGATGCCGCG	70
CGCTCCCCGC	TGCCGAGCCG	TGCGCTCCCT	GCTGCGCAGC	CACTACCCGCG	AGGTGCTGCC	GCTGGCCACG	140
TTCGTGCGGC	GCCTGGGGCC	CCAGGGCTGG	CGGCTGGTGC	AGCGCGGGGA	CCCGGCGGCT	TTCCGCGCGC	210
TGGTGGCCCA	GTGCCTGGTG	TGCGTGCCCT	GGGACGCACG	GCCGCCCCCG	GCCGCCCCCT	CCTTCGCCCA	280
GGTGTCTGTC	CTGAAGGAGC	TGGTGGCCCC	AGTGTGTGCG	AGGCTGTGCG	AGCGCGGCGC	GAAGAACGTG	350
CTGGCCTTCG	GCTTCGCGCT	GCTGGACGGG	GCCCGCGGGG	GCCCCCCCGA	GGCCTTCACC	ACCAGCGTGC	420
GCAGCTACCT	GCCCAACACG	GTGACCGACG	CACTGCGGGG	GAGCGGGGCG	TGGGGGCTGC	TGCTGCGCCG	490
CGTGGGCGAC	GACGTGCTGG	TTACCTGCT	GGCACGCTGC	GCGCTCTTTG	TGCTGGTGGC	TCCCAGCTGC	560
GCCTACCAGG	TGTGCGGGCC	GCCGCTGTAC	CAGCTCGGCG	CTGCCACTCA	GGCCCCGGCC	CCGCCACACG	630
CTAGTGGACC	CCGAAGGCGT	CTGGGATGCG	AACGGGCGTG	GAACCATAGC	GTCAGGGAGG	CCGGGTGCC	700
CCTGGGCTTG	CCAGCCCCGG	GTGCGAGGAG	GCGCGGGGCG	AGTGCCAGCC	GAAGTCTGCC	GTTGCCCAAG	770
AGGCCCAGGC	GTGGCGCTGC	CCCTGAGCCG	GAGCGGACGC	CCGTGCGGCA	GGGGTCTCTG	GCCACCCCGG	840
GCAGGACGCG	TGGACCGAGT	GACCGTGGTT	TCTGTGTGTT	GTACCTGCC	AGACCCGCGC	AAGAAGCCAC	910
CTCTTTGGAG	GGTGCGCTCT	CTGGCACGCG	CCACTCCCAC	CCATCCGTGG	GCCGCCAGCA	CCACGCGGGC	980
CCCCATCCA	CATCGCGGCC	ACCACGTCCC	TGGGACACGC	CTTGTCCTCC	GGTGTACGCC	GAGACCAAGC	1050
ACTTCTCTA	CTCCTCAGGC	GACAAGGAGC	AGCTCGGGCC	CTCCTTCCTA	CTCAGCTCTC	TGAGGCCGAC	1120
CCTGACTGGC	GCTCGGAGGC	TCGTGGAGAC	CATCTTTCTG	GGTTCCAGGC	CCTGGATGCC	AGGGACTCCC	1190
CGCAGTTGCG	CCCCCTGCC	CCAGCGCTAC	TGGCAAATGC	GGCCCTGTT	TCTGGAGCTG	CTTGGGAACC	1260
ACGCGCAGTG	CCCCTACGGG	GTGCTCCTCA	AGACGCACTG	CCCGCTGCGA	GCTGCGGTCA	CCCCAGCAGC	1330
CGGTGTCTGT	GCCCCGGAGA	AGCCCCAGGG	CTCTGTGGCG	GCCCCCGAGG	AGGAGGACAC	AGACCCCGCT	1400
CGCCTGGTGC	AGTGCTCCG	CCAGCACAGC	AGCCCCGCGC	AGGTGTACGG	CTTCGTGCGG	GCCTGCCTGC	1470
GCCGGCTGGT	GCCCCCAGGC	CTCTGGGGCT	CCAGGCACAA	CGAACGCGCG	TTCTCAGGA	ACACCAAGAA	1540
GTTCATCTCC	CTGGGAAGC	ATGCCAAGCT	CTCGCTGCAG	GAGCTGACGT	GGAAGATGAG	CGTGGGGGAC	1610
TGCGCTTGGC	TGCGCAGGAG	CCCAGGGGTT	GGCTGTGTTT	CGGCCGCGA	GCACCGTCTG	CGTGAGGAGA	1680
TCCTGGCCAA	GTTCTGCAC	TGGCTGATGA	GTGTGTACGT	CGTCGAGCTG	CTCAGGTCTT	TCTTTTATGT	1750
CACGGAGACC	ACGTTTCAA	AGAACAGGCT	CTTTTCTAC	CGGAAGAGTG	TCTGGAGCAA	GTTGCAAAGC	1820
ATTGGAATCA	GACAGCACTT	GAAGAGGGTG	CAGTGTGCGG	AGCTGTGCGA	AGCAGAGGTC	AGGCAGCATC	1890
GGGAAGCCAG	GCCCGCCCTG	CTGACGTCCA	GACTCCGCTT	CATCCCCAAG	CCTGACGGGC	TGCGGCCGAT	1960
TGTGAACATG	GACTACGTCG	TGGGAGCCAG	AACGTTCCGC	AGAGAAAAGA	GGGCCGAGCG	TCTCACCTCG	2030
AGGGTGAAGG	CACGTGTCAG	CGTGCTCAAC	TACGAGCGGG	CGCGGCGCCC	CGGCCTCTG	GGCGCCTCTG	2100
TGCTGGGCCT	GGACGATATC	CACAGGCCT	GGCGCACCTT	CGTGCTGCGT	GTGCGGGCCC	AGGACCCGCC	2170
GCCTGAGCTG	TACTTTGTCA	AGGTGGATGT	GACGGGCGCG	TACGACACCA	TCCCCCAGGA	CAGGCTCACG	2240
GAGGTACATG	CCAGCATCAT	CAAACCCAG	AACACGTACT	GCGTGCGTCG	GTATGCCGTG	GTCCAGAAGG	2310
CCGCCCATGG	GCACGTCCGC	AAGGCCTTCA	AGAGCCACGT	CTCTACCTTG	ACAGACCTCC	AGCCGTACAT	2380
GCGACAGTTC	GTGGCTCACC	TGCAGGAGAC	CAGCCCCTG	AGGGATGCCG	TCGTACATCGA	GCAGAGCTCC	2450
TCCCTGAATG	AGGCCAGCAG	TGGCCTCTTC	GACGTCTTCC	TACGCTTCAT	GTGCCACCAC	GCCGTGCGCA	2520
TCAGGGGCAA	GTCCTACGTC	CAGTGCCAGG	GGATCCCGCA	GGGCTCCATC	CTCTCCACGC	TGCTCTGCGA	2590
CCTGTGCTAT	GGCGACATGG	AGAACAAGCT	GTTTGGCGGG	ATTGCGGGG	ACGGGCTGCT	CCTGCGTTTG	2660
GTGGATGATT	TCTTGTGTTG	GACACCTCAC	CTCACCCACG	CGAAAACCTT	CCTCAGGACC	CTGTTCCGAG	2730
GTGTCCCTGA	GTATGGCTGC	GTGGTGAAC	TGCGGAAGAC	AGTGGTGAAC	TTCCCTGTAG	AAGACGAGGC	2800
CCTGGGTGGC	ACGGCTTTTG	TTCAGATGCC	GGCCACGGC	CTATTCCCT	GGTGCGGCT	GCTGCTGGAT	2870
ACCCGGACCC	TGGAGGTGCA	GAGCGACTAC	TCCAGCTATG	CCCGACCTC	CATCAGAGCC	AGTCTCACCT	2940
TCAACCGCGG	CTTCAAGGCT	GGGAGGAACA	TGCGTCGCAA	ACTCTTTGGG	GTCTTGCGGC	TGAAGTGTCA	3010
CAGCCTGTTT	CTGGATTGCG	AGGTGAACAG	CCTCCAGACG	GTGTGCACCA	ACATCTACAA	GATCCTCCTG	3080
CTGCAGGCGT	ACAGGTTTCA	CGCATGTGTG	CTGCAGCTCC	CATTTCATCA	GCAAGTTTGG	AAGAACCCCA	3150
CATTTTTTCT	GCGCGTCATC	TCTGACACGG	CCTCCCTCTG	CTACTCCATC	CTGAAAGCCA	AGAACGCGAG	3220
GATGTGCGTG	GGGGCCAAGG	GCGCGCGCGG	CCCTCTGCC	TCCGAGGCGG	TGCAGTGGCT	GTGCCACCAA	3290
GCATTCTGTC	TCAAGCTGAC	TGCACACCGT	GTACCTACG	TGCCACTCCT	GGGGTCACTC	AGGACAGCCC	3360
AGACGCAGCT	GAGTCGGAAG	CTCCCGGGA	CGACGCTGAC	TGCCCTGGAG	GCCGCAGCCA	ACCCGGCACT	3430
GCCCTCAGAC	TTCAAGACCA	TCTGGACTG	ATGGCCACCC	GCCACAGCC	AGGCCGAGAG	CAGACACCAG	3500
CAGCCCTGTC	ACGCCGGGCT	CTACGTCCCA	GGGAGGGAGG	GGCGGCCAC	ACCCAGGCCC	GCACCGCTGG	3570
GAGTCTGAGG	CCTGAGTGAG	TGTTTGGCCG	AGGCCTGCAT	GTCCGGCTGA	AGGCTGAGTG	TCCGGCTGAG	3640
GCCTGAGCGA	GTGTCCAGCC	AAGGGCTGAG	TGTCCAGCAC	ACCTGCCGTC	TTCACTTCCC	CACAGGCTGG	3710
CGCTCGGCTC	CACCCAGGG	CCAGCTTTTC	CTCACCAGGA	GCCCGGCTTC	CACTCCCCAC	ATAGGAATAG	3780
TCCATCCCCA	GATTGCGCAT	TGTTCAACCC	TCGCCCTGCC	CTCCTTTGCC	TTCCACCCCC	ACCATCCAGG	3850
TGGAGACCCT	GAGAAGGACC	CTGGGAGCTC	TGGGAATTTG	GAGTGACCAA	AGGTGTGCCC	TGTACACAGG	3920
CGAGGACCCT	GCACCTGGAT	GGGGTCCCT	GTGGGTCAA	TTGGGGGAG	GTGCTGTGGG	AGTAAATATC	3990
TGAATATATG	AGTTTTTCAG	TTTTGAAAAA	AAAAA	AAAAA	AAAAA	AA	4042

- 2 / 15 -

Fig. 2

MPRAPRCRAV	RSLLRSHYRE	VLPLATFVRR	LGPQGWRLVQ	RGDPAAFRAL	50
VAQCLVCVPW	DARPPPAAPS	FRQVSCCLKEL	VARVLQRLCE	RGAKNVLAFG	100
FALLDGARGG	PPEAFTTSVR	SYLPNTVTDA	LRGSGAWGLL	LRRVGDDVLV	150
HLLARCALFV	LVAPSCAYQV	CGPPLYQLGA	ATQARPPPHA	SGPRRRLGCE	200
RAWNHSVREA	GVPLGLPAPG	ARRRGGSASR	SLPLPKRPRR	GAAPEPERTP	250
VGQGSWAHPG	RTRGPSDRGF	CVVSPARPAE	EATSLEGALS	GTRHSHPSVG	300
RQHHAGPPST	SRPPRPWDTP	CPPVYAETKH	FLYSSGDKEQ	LRPSFLLSSL	350
RPSLTGARRL	VETIFLGSRP	WMPGTPRRLP	RLPQRYWQMR	PLFLELLGNH	400
AQCPYGVLLK	THCPLRAAVT	PAAGVCAREK	PQGSVAAPPE	EDTDPRRLVQ	450
LLRQHSSPWQ	VYGFVRACLR	RLVPPGLWGS	RHNERRFLRN	TKKFISLGKH	500
AKLSLQELTW	KMSVRDCAWL	RRSPGVGCVP	AAEHLREEI	LAKFLHWLMS	550
VYVVELLRSF	FYVTETTFQK	NRLFFYRKSV	WSKLQSIGIR	QHLKRVQLRE	600
LSEAEVRQHR	EARPALLTSR	LRFIPKPDGL	RPIVNMDYVV	GARTFRREKR	650
AERLTSRVKA	LFSVLNYERA	RRPGLLGASV	LGLDDIHRAW	RTFVLRVRAQ	700
DPPPELYFVK	VDVTGAYDTI	PQDRLTEVIA	SIKPNQNTYC	VRRYAVVQKA	750
AHGHVRKAFK	SHVSTLTDLQ	PYMRQFVAHL	QETSPLRDAV	VIEQSSSLNE	800
ASSGLFDVFL	RFMCHHAVRI	RGKSYVQCQG	IPQGSILSTL	LCSLCYGDME	850
NKLFAGIRRD	GLLLRLVDDF	LLVTPHLTHA	KTFLRTLVRG	VPEYGCVVNL	900
RKTVVNFVPE	DEALGGTAFV	QMPAHGLFPW	CGLLLDTRTL	EVQSDYSSYA	950
RTSIRASLTF	NRGFKAGRNM	RRKLFGVLRL	KCHSLFLDLQ	VNSLQTVCTN	1000
IYKILLQAY	RFHACVLQLP	FHQQVWKNPT	FFLRVISDTA	SLCYSILKAK	1050
NAGMSLGAKG	AAGPLPSEAV	QWLCHQAFL	KLTRHRVTYV	PLLGLSLRTAQ	1100
TQLSRKLPGT	TLTALEAAAN	PALPSDFKTI	LD		1132

- 3/15 -

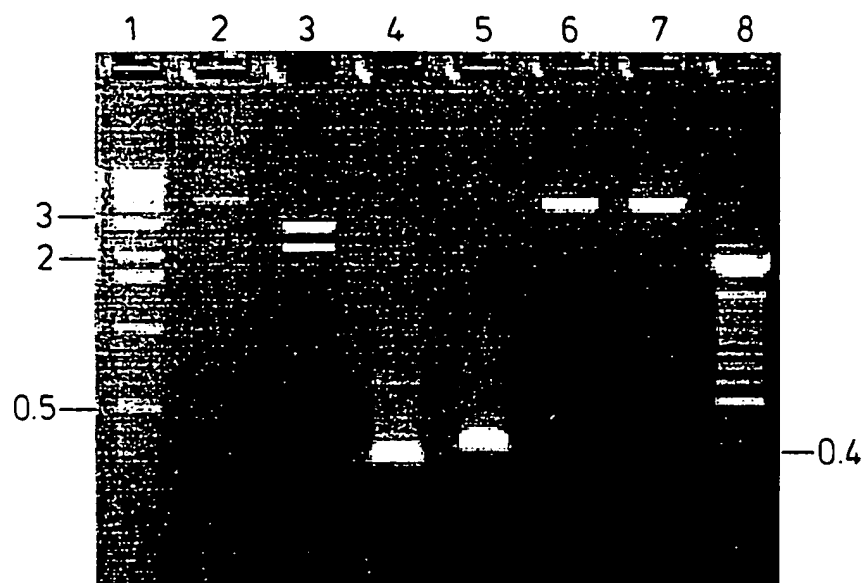
Fig. 3

Fig. 5

Lipman-Pearson Protein Alignment

Ktuple: 2; Gap Penalty: 4; Gap Length Penalty: 12

Seq1(1>150) Seq2(1>150) Similarity Gap

P123.PRO EST2P.PRO Index Number Length Consensus

(2>148)	(1>146)	21.6	4	5	149
P123.PRO	LLRWIFEDLVVSLIRCFYVTEQOKSYSKTYYYRKNIWQVIMKMSIADLKKETLAEVQKEVEEKKSLGFA PGKLRLLP	20	30	40	50 60 70 80
EST2P.PRO	FISWLFROLIPKIIOTFFCYCIEISSTVTIVYF-RHDTWKNKLITPFIVEYFKTYLVENNVCRNHNHNSYTLNHNHSMRIIP	20	30	40	50 60 70 80
P123.PRO	KKT--TFRPIMTFNKKIVNSDRKTTKLTNTKLLNSHLMKTLKNRMFKDPFGFAVFNYYDDVMKKYEEFVC	90	100	110	120 130 140 150
EST2P.PRO	KKSNNEFRIIAIPCRGADEEFTIYKENHKNAIOPTOKILEYLRNKR-PTSFT-KIYSPTOIADRIKEFKO	90	100	110	120 130 140 150

Fig. 6

Lipman-Pearson Protein Alignment

Ktuple: 2; Gap Penalty: 4; Gap Length Penalty: 12

Seq1(1>129)

Seq2(1>150)

Similarity

Gap

Consensus

PHTC.PRO

EST2P.PRO

Index

Number

Length

Length

(3>85)	(1>80)	23.3	3	3	83
PHTC.PRO	FLHWLMSVYVVELLRSFFYVTETTFQKNRLLFFYRKSVWSKLOSIGIROHLKRVOLRDVSEAEVROHREARPALLTSRLRF	↖10	↖20	↖30	↖40
EST2P.PRO	FISWLFROLIPKIIOTFFCYCTEIS-STVTIVYFRHDTWKNLITPFIVEYFKTY-LVE-NNVCRNHNSTLSNFNHSMRI	↖10	↖20	↖30	↖40
PHTC.PRO	IPKPDGLRPIVNMDYVVGARTFRREKRAERLTSRVKALFSVLNYERA	↖90	↖100	↖110	↖120
EST2P.PRO	IPKKSNEFR11AIPCRGADEEEFTIYKENHKNAIOPTOKILEYLRN	↖80	↖90	↖100	↖110

- 7 / 15 -

Fig. 7

Alignment Workspace of Untitled, using Clustal method with PAM250 residue weight table

	10	20	30	40	50	60	70	80
PHTC. PRO	AKFLHWLMSVYVVELLR	SFFVVTETTFQKNR	FFYRKS	VWSKIQSIGIRQHLKRVQLRDVSEAEVRQREARPA	LLTS			
P123. PRO	-KLLRWIFEDLVSLIRCF	FVTEQQKSYSTYYRKN	IWDVIMKMSI	-ADLKKETLAEVQEK	EV-EEWKKS	LG-FAPG		
EST2P. PRO	--FISWLFRLIPKIIQ	TFYCTEIS-STVTIVYFRHDTW	NKLITPFIVEYFKTYL	---	VENNVCRNHSY	TLSNFNHS		
	10	20	30	40	50	60	70	80
	90	100	110	120	130	140	150	160
PHTC. PRO	LRFIKPDG--LRPIVNMDYVVGAR	---TERREKRAERLT	SRVKAL	---	---	---	---	---
P123. PRO	LRLIPKKT--FRPIMTFN	---KK---	IVNSDRKTTKLTNTKLLNSHLM	KLTLKNRMFKDP	PGFAVFN	YDDVMK	YKE	
EST2P. PRO	MRIIPKSNNEFR	-IIAIPCRGADEEFTIYKENHKN	AIQPTQKILE	---	YLRNKRPTSFTKI	--YSPTQIADRIKEFK		

Fig. 8

- 8 / 15 -

GTGCCTGCAG	AGACCCGTCT	GGTGCACCTCT	GATTCTCCAC	TTGCCTGTG	CATGTCCTCG	TTCCCTTGTT	70
TCTCACCACC	TCTTGGGTTG	CCATGTGCGT	TTCCTGCCGA	GTGTGTGTG	ATCCTCTCGT	TGCCTCCTGG	140
TCACTGGGCA	TTTGCTTTTA	TTTCTCTTG	CTTAGTGTTA	CCCCCTGATC	TTTTTATTGT	CGTTGTTTGC	210
TTTTGTTTAT	TGAGACAGTC	TCACTCTGTC	ACCCAGGCTG	GAGTGTAAATG	GCACAATCTC	GGCTCACTGC	280
AACCTCTGCC	TCCTCGGTTT	AAGCAGTTCT	CATTCTCAA	CCTCATGAGT	AGCTGGGATT	ACAGGCGCCC	350
ACCACCACGC	CTGGCTAATT	TTTGTATTTT	TAGTAGAGAT	AGGCTTTCAC	CATGTTGGCC	AGGCTGGTCT	420
CAAACCTCTG	ACCTCAAGTG	ATCTGCCCCG	CTTGGCCTCC	CACAGTGCTG	GGATTACAGG	TGCAAGCCAC	490
CGTGCCCGGC	ATACCTTGAT	CTTTTAAAAT	GAAGTCTGAA	ACATTGCTAC	CCTTGTCTCTG	AGCAATAAGA	560
CCCTTAGTGT	ATTTTAGCTC	TGGCCACCCC	CCAGCCTGTG	TGCTGTTTTT	CCTGCTGACT	TAGTCTATC	630
TCAGGCATCT	TGACACCCCC	ACAAGCTAAG	CATTATTAAT	ATTGTTTTCC	GTGTTGAGTG	TTTCTTTAGC	700
TTTGCCCCCG	CCCTGCTTTT	CCTCCTTTGT	TCCCCGCTG	TCTTCTGTCT	CAGGCCCCGCC	GTCTGGGGTC	770
CCCTTCCTTG	TCCTTTGCGT	GGTTCTTCTG	TCTTGTATT	GCTGGTAAAC	CCCAGCTTTA	CCTGTGCTGG	840
CCTCCATGGC	ATCTAGCGAC	GTCCGGGGAC	CTCTGCTTAT	GATGCACAGA	TGAAGATGTG	GAGACTCACG	910
AGGAGGGCGG	TCATCTTGGC	CCGTGAGTGT	CTGGAGCACC	ACGTGGCCAG	CGTTCCTTAG	CCAGGGTTGG	980
CTGTGTTCCG	GCCGCAGAGC	ACCGTCTGCG	TGAGGAGATC	CTGGCCAAGT	TCCTGCACTG	GCTGATGAGT	1050
GTGTACGTCG	TCGAGCTGCT	CAGGTCTTTC	TTTTATGTCA	CGGAGACCAC	GTTTCAAAAG	AACAGGCTCT	1120
TTTTCTACCG	GAAGAGTGTC	TGGAGCAAGT	TGC				1153

Fig. 9

CAGAGCCCTG	GTCTCTCTGT	CTCCATCGTC	ACGTGGGCAC	ACGTGGCTTT	TCGCTCAGGA	CGTCGAGTGG	70
ACACGGTGAT	CTCTGCCTCT	GCTCTCCCTC	CTGTCCAGTT	TGCATAAACT	TACGAGGTTT	ACCTTCACGT	140
TTTGATGGAC	ACGCGGTTTC	CAGGCACCGA	GGCCAGAGCA	GTGAACAGAG	GAGGCTGGGC	GCGGCAGTGG	210
AGCGGGGTTG	CCGGCAATGG	GGAGAAGTGT	CTGGAAGCAC	AGACGCTCTG	GCGAGGGTGC	CTGCAGAGAC	280
CCGCTGGTGT	CACTCTGATT	CTCCACTTGC	CTGTTGCATG	TCCTCGTTCC	CTTGTTTCTC	ACCACCTCTT	350
GGGTTGCCAT	GTGCGTTTCC	TGCCGAGTGT	GTGTTGATCC	TCTCGTTGCC	TCCTGGTCAC	TG	412

Fig. 10

GGGGTCTCTG	GCCCCACCGG	GCAGGACCGG	TGGACCGAGT	GACCGTGGTT	TCTGTGTGGT	GTCACCTGCC	70
AGACCCGCGG	AAGAAGCCAC	CTCTTTGGAG	GGTGCCTCT	CTGGCACCGG	CCACTCCAC	CCATCCGTGG	140
GCCGCCAGCA	CCACGCGGGC	CCCCATCCA	CATCGCGGCC	ACCACGTCCC	TGGGACACGC	CTTGTCCTCC	210
GGGTACGCC	GAGACCAAGC	ACTTCCTCTA	CTCCTCAGGC	GACAAGGAGC	AGCTGCGGcC	CTCCTTCCTA	280
CTCAGCTCTC	TGAGGCCACG	CCTGACTGGC	GCTCGGAGGC	TCGTGGAGAC	CATCTTTCTG	GGTTCAGGC	350
CCTGGATGCC	AGGGACTCCC	CGCAGGTTGC	CCCGCTGCC	CCAGCGCTAC	TGGCAAATGC	GGCCCTGTT	420
TCTGGAGCTG	CTTGGGAACC	ACGCGCAGTG	CCCCTACGGG	GTGCTCTCA	AGACGCACTG	CCCGCTGCGA	490
GCTGCGGTCA	CCCCAGCAGC	CGGTGTCTGT	GCCCGGGAGA	AGCCCCAGGG	CTCTGTGGCG	GCCCCGAGG	560
AGGAGGACAC	AGACCCCGT	CGCTGGTGC	AGCTGCTCCG	CCAGCACAGC	AGCCCCTGGC	AGGTGTACGG	630
CTTCGTGCGG	GCCTGCCTGC	GCCGGCTGGT	GCCCCAGGC	CTCTGGGGCT	CCAGGCACAA	CGAACGCCGC	700
TTCTCAGGA	ACACCAAGAA	GTTCTCTCC	CTGGGAAGC	ATGCCAAGCT	CTCGCTGCAG	GAGCTGACGT	770
GGAAGATGAG	CGTGCGGGAC	TGCGCTTGGC	TGCGCAGGAG	CCCAGGTGAG	GAGGTGGTGG	CCGTGAGGG	840
CCCAGGCCCC	AGAGCTGAAT	GCAGTAGGGG	CTCAGAAAAG	GGGGCAGGCA	GAGCCCTGGT	CCTCTGTCT	910
CCATCGTCAC	GTGGGCACAC	GTGGCTTTTC	GCTCAGGACG	TCGAGTGGAC	ACGGTGATCT	CTGCCTCTGC	980
TCTCCCTCT	GTCCAGTTTG	CATAAACTTA	CG				1012

- 9/15 -

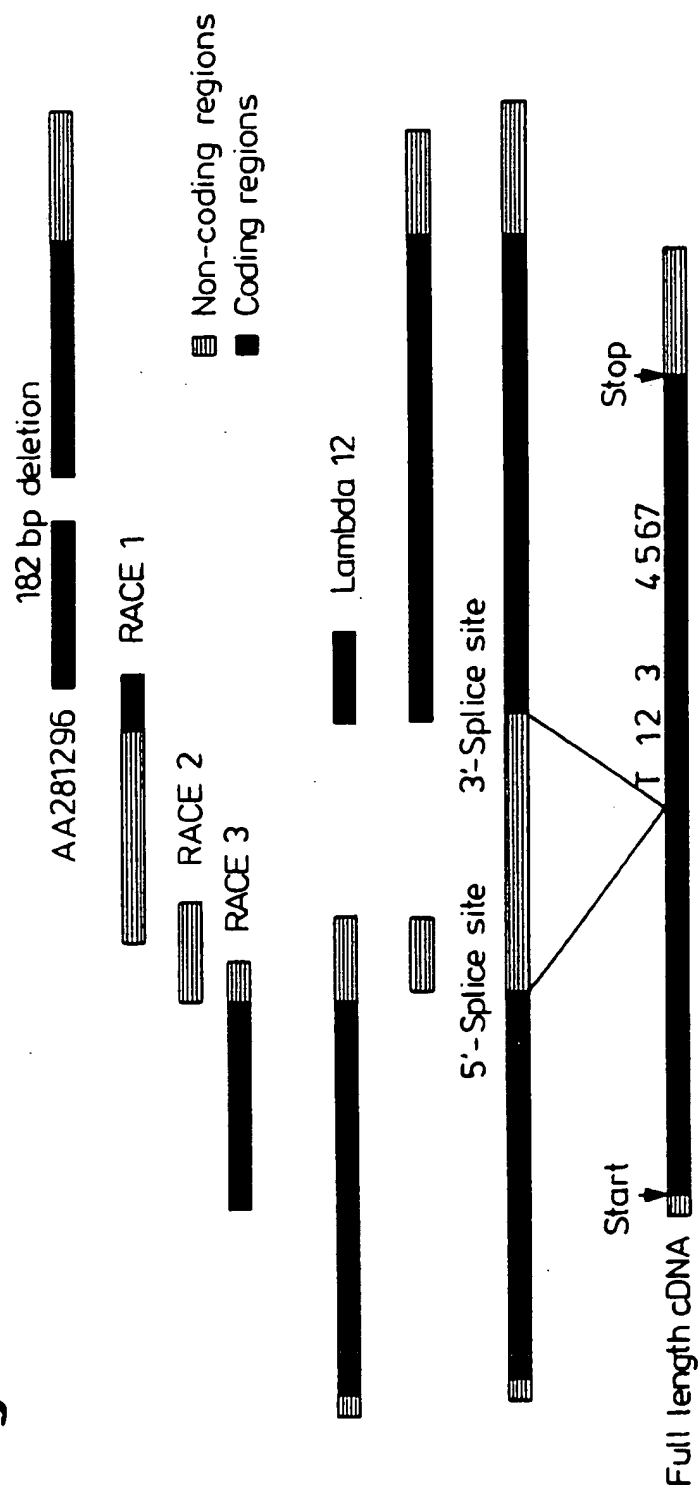
Fig. 11

```

GAATTCGCGG CCGCGTCGAC GTTTCAGGCA GCGCTGCGTC CTGCTGCGCA CGTGGGAAGC CCTGGCCCCG 70
GCCACCCCGG CGATGCCGCG CGCTCCCCGC TGCCGAGCCG TCGCTCCCT GCTGCGCAGC CACTACCGCG 140
AGGTGCTGCC GCTGGCCACG TTCGTGCGGC GCCTGGGGCC CCAGGGCTGG CGGCTGGTGC AGCGCGGGGA 210
CCCGGCGGCT TTCCGCGCGC TGGTGGCCCA GTGCTGGTG TCGTGCCCT GGGACGCACG GCCGCCCCCC 280
GCCGCCCCCT CTTCCGCCA GGTGTCTGTC CTGAAGGAGC TGGTGGCCCG AGTGCTGCAG AGGCTGTGCG 350
AGCGCGGCGC GAAGAACGTG CTGGCCCTTCG GCTTCGCGCT GCTGGACGGG GCCCGCGGGG GCCCCCCCGA 420
GGCCTTCACC ACCAGCGTGC GCAGCTACCT GCCCAACACG GTGACCGACG CACTGCGGGG GAGCGGGGCG 490
TGGGGGCTGC TGCTGCGCCG CGTGGGCGAC GACGTGCTGG TTCACCTGCT GGCACGCTGC GCGCTCTTTG 560
TGCTGGTGGC TCCAGCTGC GCCTACCAGG TGTGCGGGCC GCCGCTGTAC CAGCTCGGCG CTGCCACTCA 630
GGCCCGGCCC CCGCCACACG CTAGTGGAAC CCGAAGGCGT CTGGGATGCG AACGGGCTG GAACCATAGC 700
GTCAGGGAGG CCGGGGTCCC CCTGGGCTTG CCAGCCCCGG GTGCGAGGAG GCGCGGGGGC AGTGCCAGCC 770
GAAGTCTGCC GTTGCCCAAG AGGCCCAGGC GTGGCGTGC CCCTGAGCCG GAGCGGACGC CCGTTGGGCA 840
GGGGTCTTGG GCCACCCCGG GCAGGACGCG TGGACCGAGT GACCGTGGTT TCTGTGTGGT GTCACCTGCC 910
AGACCCGCGG AAGAAGCCAC CTCTTTGGAG GGTGCGCTCT CTGGCACGCG CCACTCCCAC CCATCCGTGG 980
GCCGCCAGCA CCACGCGGGC CCCCCATCCA CATCGCGGCC ACCACGTCCC TGGGACACGC CTTGTCCCCC 1050
GGTGTACGCC GAGACCAAGC ACTTCCTCTA CTCCTCAGGC GACAAGGAGC AGCTGCGGCC CTCCTTCTTA 1120
CTCAGCTCTC TGAGGCCCAG CCTGACTGGC GCTCGGAGGC TCGTGAGAC CATCTTTCTG GGTTCACAGC 1190
CCTGGATGCC AGGGAATCCC CGCAGTTGC CCCGCTGCC CCAGCGCTAC TGGCAAATGC GGCCCTGTT 1260
TCTGGAGCTG CTTGGGAACC ACGCGCAGTG CCCTACGGG GTGCTCCTCA AGACGCACTG CCCGCTGCGA 1330
GCTGCGGTCA CCCAGCAGC CGGTGTCTGT GCCCGGAGA AGCCCCAGGG CTCTGTGGCG GCCCCGAGG 1400
AGGAGGACAC AGACCCCGT CGCCTGGTGC AGTGCTCCG CCAGCACAGC AGCCCTGGC AGGTGTACGG 1470
CTTCGTGCGG GCCTGCCTGC GCCGCTGGT GCCCCAGGC CTCTGGGGCT CCAGGCACAA CGAACGCCGC 1540
TTCTCAGGA ACACCAAGAA GTTCATCTCC CTGGGAAGC ATGCCAAGCT CTCGTGCGAG CAGCTGACGT 1610
GGAAGATGAG CGTGCGGGAC TGCCTTGGC TGCACAGAG CCCAGGTGAG GAGGTGTGGG CCGTCGAGGG 1680
CCACGGCCCC AGAGCTGAAT GCAGTAGGGG GCAGAAAAAG GGGGCAGGCA GAGCCCTGGT CCTCCTGTCT 1750
CCATCGTCACT GTGGGCACAC GTGGCTTTTC GCTCAGGACG TCGAGTGGAC ACGGTGATCT CTGCCTCTGC 1820
TCTCCCTCCT GTCCAGTTTG CATAAAGTTA CGAGGTTTAC CTTACGTTT TGATGGACAC GCGGTTTCCA 1890
GGCGCCGAGG CCAGAGCAGT GAACAGAGGA GGCTGGGCGC GGCAGTGGAG CCGGGTTGCC GGCAATGGG 1960
AGAAGTGTCT GGAAGCACAG ACGCTCTGGC GAGGGTGCCT GCAGGGGTTG GCTGTGTTCC GGCCGACAG 2030
CACCGTCTGC GTGAGGAGAT CCTGGCCAAG TTCCTGCACT GGCTGATGAG TGTGTACGTC GTCGAGCTGC 2100
TCAGGTCTTT CTTTATATGTC ACGGAGACCA CGTTTCAAAA GAACAGGCTC TTTTCTACC GGAAGAGTGT 2170
CTGGAGCAAG TTGCAAAGCA TTGGAATCAG ACAGCACTTG AAGAGGGTGC AGCTGCGGGA GCTGTGCGAA 2240
GCAGAGGTCA GGCAGCATCG GGAAGCCAGG CCCGCCCTGC TGACGTCCAG ACTCCGCTTC ATCCCCAAGC 2310
CTGACGGGCT GCGGCCGATT GTGAACATGG ACTACGTCGT GGGAGCCAGA ACGTTCCGCA GAGAAAAGAG 2380
GGTGGCTGTG CTTTGGTTTA ACTTCCTTTT TAAACAGAAG TCGTTTGAG CCCACATTT GGTATCAGCT 2450
TAGATGAAGG GCCCGGAGGA GGGGCCACGG GACACAGCCA GGGCCATGGC ACGGCGCCAA CCCATTTGTG 2520
CGCACGGTGA GGTGGCCGAG GTGCCGTGC CTCAGAAAA GCAGCGTGGG GGTGTAGGGG GAGCTCCTGG 2590
GGCAGGACA GGCTCTGAG ACCACAAGAA GCAGCTGGG CAGGGCCTGG ATGCAGCAG GCCCGAGCGG 2660
GTGGGGGCCC ACCACGCCAT TCTGGTCAAA GGTGTTTGGC TCGTAATAGC CGGCCACAGG GTCTGAAACC 2730
TTCAGAGTCT CAAAAGCTGG GACCCCTCAGG GCCAAATGGG GCCACACCTT GTCTGGAAG AAATCATGGT 2800
CCACTTCCAG GTTCGCGGGG TCCGGTTCTT CTGCTCAGT GGGGCTACGA CCACCTAGGT AGTTGCTACC 2870
TAATCCTTCC CGGCGAAAAT AGGCTCCACT GGTGTCTGCA ACAAGCGGAG TCTCTAGGCC TGGTCCCTGG 2940
GGGCACTGCC ACACATACAC ATACCTTTTC CTCGGCTCCA CAGGTAGCTT GGTGCCCTGC AGGGTGCCAG 3010
GCGGCCCTC TCCAACACCA GCCAGTGTGC CGATTGCGC AGACCAGGCT CCGGCTGCGT TGATCACAAT 3080
GGCGCATTCC ACAGGCTGGT ACTCCAGGCT GCGGTCCATC TTCACATGGA CTTTATGGAT CCTTTTCAAG 3150
ACCACGCTT TGTCATCTGT GGTCAACATG CGTTGAGATG AAGAGACAAA ACGTGTACC TCTCCCTGGC 3220
AGAAAAGGAC TCCCAAGGAC TGGACCTTTC GCCGAAGCCC CTGGAGCAGA CACCAGGGGT CAAACCAACC 3290
TTCGTCTCTC ATCCCATAG ACGCCAAAGC CACTCCCTCT GTGTTTATCC AGGGAAGCTT GTTCCGAAGC 3360
TGATCAGGAG ACATCAGAGA AACTTTGGCT CCCTCCTGCC TCTGCACTTT CACGTGTGTC TCCATGGCTG 3430
CAGCATCCTT TTCTGAAGCC AGCAAGAGGT AGCCCAGGG GTTGAACCGG AGGTCCAGGG GAGGAGCATC 3500
GACTACGGCC AGGTACTCAT TGATGTTCCG TAGAAAGCTG GCTGAAAAGA GGGAGAGCTG GATGTTCTCA 3570
GGCAATGAGA ACTGCTGACA AATCCCACCT ACTGAGAGCC CAGTGGAGGC CTGTGAATAC GTGTGGTCCC 3640
GTTCCACCAC TAGCACTCGA ATAGCACCTC GTCTGCTCTC CAGCTTCTTC AGCCAATAGG CCACAGACAA 3710
GCCAAGCACC CCACCTCCCA CGATCACCAC ATCCGAGTGC TCGGAGGCA GGTGGCTGGT GTCTTGCACT 3780
AGATCAGAG ACCTTCCAGG CAGGATCGAC TTGATCTTCT TCTTAATCTC AGACACCTTT CCATCCCACT 3850
CCAGAGAAAA GCCTCCTCTG CGCGTGCTG CCTCCGGGT CAAGAGGCCC CGGCCCATGC CGTGCGGCAG 3920
AACCCTCCGA ATCATAGCCC CTCTGAGCCC GGGTCGACGC GGCCGCGAAT TC 3972

```

- 10/15 -

Fig.12

- 11/15 -

Fig.13

Telomerase motif

hTC
Euplotes

VVELLSFFFYVTE
VVSILRCFFYVTE
553 565

RT consens.
hTC
Euplotes

RT1
p-hh-h-k
SRLRFIPK
GKLRLIPK
619 626

RT2
hR-h-----k
LRPIVNMDYVVG
FRPIMTFNKKIV
630 641

RT3
h--hDh---Y--h
PELYFVKVDVTGAYDTI
PELYFMKFDVKSCYDSI
704 720

RT consens.
hTC
Euplotes

RT4
h---hPQG---SP
QCQGI PQGSILST
QTKGIPQGLCVSS
827 839

RT5
h--YhDDhLLRLVDDFLL
LMRLTDDYLL
863 872

RT6
Gh-h---K
GCVVNLRK
GFKFNMKK
895 902

RT7
hLG---h
ALGGTA
KFAKYG
913 918

- 12 / 15 -

Fig. 14

CCGGAAGAGT	GTCTGGAGCA	AGTTGCAAAG	CATTGGAATC	AGACAGCACT	TGAAGAGGGT	GCAGCTGCGG	1853
GAGCTGTGCG	AAGCAGAGGT	CAGGCAGCAT	CGGGAAGCCA	GGCCCCCCT	GCTGACGTCC	AGACTCCGCT	1923
TCATCCCCAA	GCCTGACGGG	CTGCGGCCGA	TTGTGAACAT	GGA CTACGTC	GTGGGAGCCA	GAACGTTCCG	1993
CAGAGAAAAG	AGGGCCGAGC	GTCTCACCTC	GAGGGTGAAG	GCACTGTTCA	GCGTGCTCAA	CTACGAGCGG	2063
GCGCGGCGCC	CCGGCCTCCT	GGGCGCCTCT	GTGCTGCGCC	TGGACGATAT	CCACAGGGCC	TGGCGCACCT	2133
TCGTGCTGCG	TGTGCGGGCC	CAGGACCCGC	CGCCTGAGCT	GTACTTTGTC	AAGGTGGATG	TGACGGGCGC	2203
GTACGACACC	ATCCCCCAGG	ACAGGCTCAC	GGAGGTCATC	GCCAGCATCA	TCAAACCCCA	GAACACGTAC	2273
TGCGTGCGTC	GGTATGCCGT	GGTCCAGAAG	GCCGCCCATG	GGCACGTCCG	CAAGGCCCTT	AAGAGCCACG	2343
TCTCTACCTT	GACAGACCTC	CAGCGGTACA	TGCGACAGTT	CGTGGCTCAC	CTGCAGGAGA	CCAGCCCGCT	2413
GAGGGGTGCC	GTGTCATCG	AGCAGAGCTC	CTCCCTGAAT	GAGGCCAGCA	GTGGCCTCTT	CGACGTCTTC	2483
CTACGCTTCA	TGTGCCACCA	CGCGGTGCGC	ATCAGGGGCA	AGTCCTACGT	CCAGTGCCAG	GGGATCCCGC	2553
AGGGCTCCAT	CCTCTCCAGG	CTGCTCTGCA	GCCTGTGCTA	CGGCGACATG	GAGAACAAGC	TGTTTGCGGG	2623
GATTGCGCGG	GACGGGCTGC	TCCTGCGTTT	GGTGATGAT	TTCTTGTTGG	TGACACCTCA	CCTCACCAC	2693
GCGAAAACCT	TCCTCAGGAC	CCTGGTCCGA	GGTGCCCTG	AGTATGGCTG	CGTGGTGAAC	TTGCGGAAGA	2763
CAGTGGTGAA	CTCCCTGTA	GAAGACGAGG	CCCTGGGTGG	CACGGCTTTT	GTTCAGATGC	CGGCCACCGG	2833
CCTATTCCCC	TGGTGCGGCC	TGCTGCTGGA	TACCCGGACC	CTGGAGGTGC	AGAGCGACTA	CTCCAGCTAT	2903
GCCCGGACCT	CCATCAGAGC	CAGTCTCACC	TTCAACCGCG	GCTTCAAGGC	TGGGAGGAAC	ATGCGTCGCA	2973
AACTCTTTGG	GGTCTTGCGG	CTGAAGTGTC	ACAGCCTGTT	TCTGGATTTG	CAGGTGAACA	GCCTCCAGAC	3043
GGTGTGCACC	AACATCTACA	AGATCCTCCT	GCTGCAGGCG	TACAGGTTTC	ACGCATGCGT	GCTGCAGCTC	3113
CCATTTTCATC	AGCAAGTTTG	GAAGAACCCC	ACATTTTTC	TGCGCGTCAT	CTCTGACACG	GCCTCCCTCT	3183
GCTACTCCAT	CCTGAAAGCC	AAGAACGCAG	GTATGTGCAG	GTGCCTGGCC	TCAGTGGCAG	CAGTGCCTGC	3253
CTGCTGGTGT	TAGTGTGTCA	GGAGACTGAG	TGAATCTGGG	CTTAGGAAGT	TCTTACCCCT	TTTCGCATCA	3323
GGAAAGTGTT	TAACCCAACC	ACTGTCAGGC	TCGTCTGCCC	GCCCTCTCGT	GGGGTGAGCA	GAGCACCTGA	3393
TGGAAGGGAC	AGGAGCTGTC	TGGGAGCTGC	CATCCTTCCC	ACCTTGCTCT	GCCTGGGGAA	GCGCTGGGGG	3463
GCCTGGTCTC	TCCTGTTTGC	CCCATGGTGG	GATTTGGGGG	GCCTGGCCTC	TCCTGTTTGC	CCTGTGGTGG	3533
GATTGGGCTG	TCTCCCGTCC	ATGGCACTTA	GGGCCCTTGT	GCAAACCCAG	GCCAAGGGCT	TAGGAGGAGG	3603
CCAGGCCCAG	GCTACCCAC	CCCTCTCAGG	AGCAGAGGCC	GCGTATCACC	ACGACAGAGC	CCCGCGCCGT	3673
CCTCTGCTTC	CCAGTCACCG	TCCTCTGCCC	CTGGACACTT	TGTCCAGCAT	CAGGGAGGTT	TCTGATCCGT	3743
CTGAAATTCA	AGCCATGTCG	AACCTGCGGT	CCTGAGCTTA	ACAGCTTCTA	CTTTCTGTTC	TTTCTGTGTT	3813
GTGGAGACCC	TGAGAAGGAC	CCTGGGAGCT	CTGGGAATTT	GGAGTGACCA	AAGGTGTGTC		3872

Fig.15

Abb. A

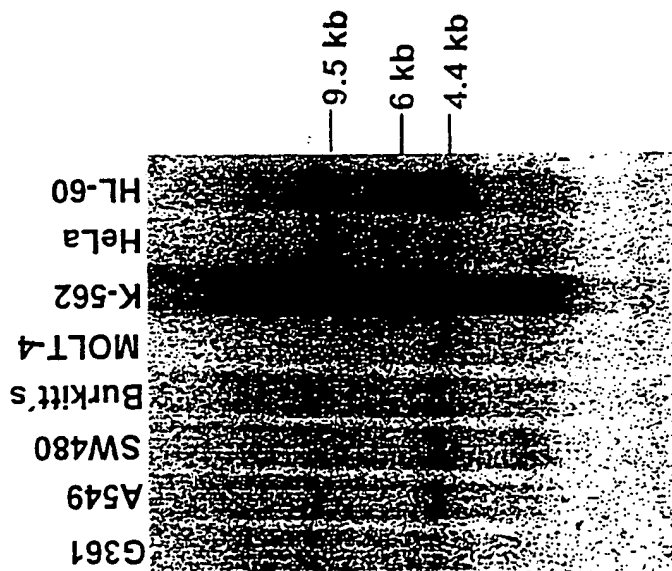


Abb. B

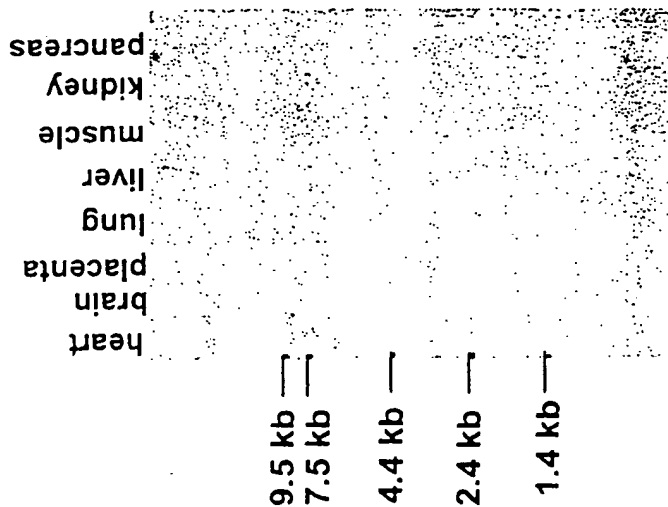


Abb. A

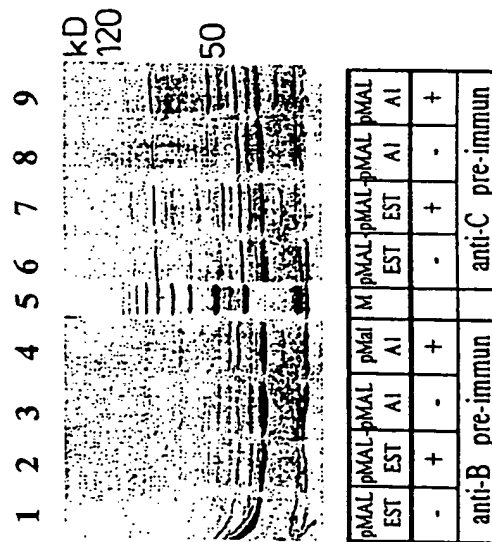
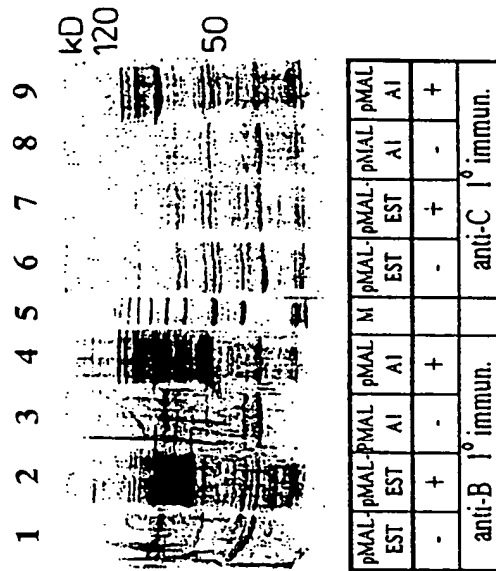
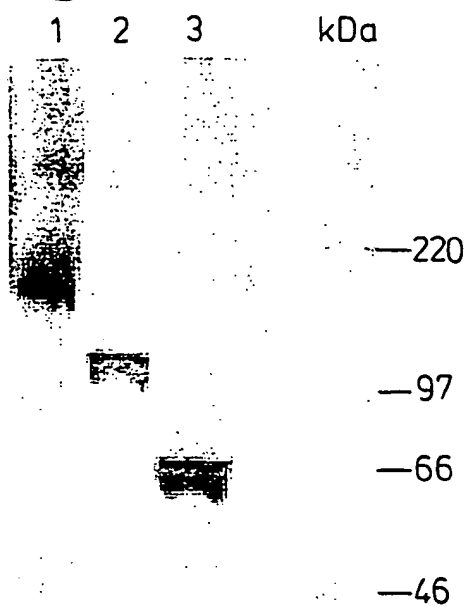
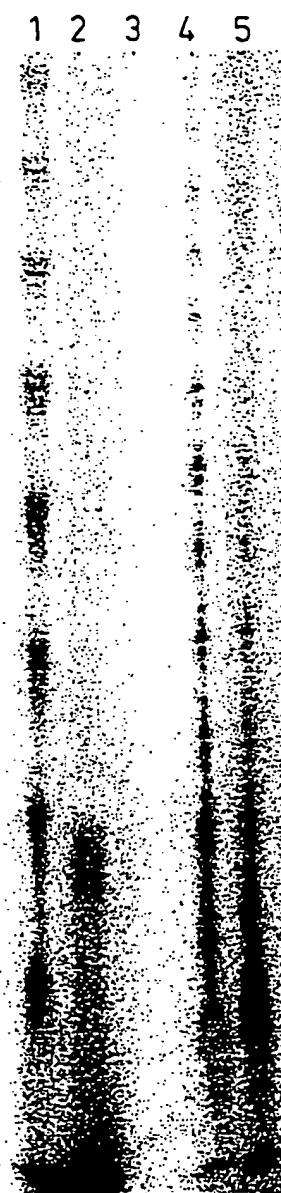
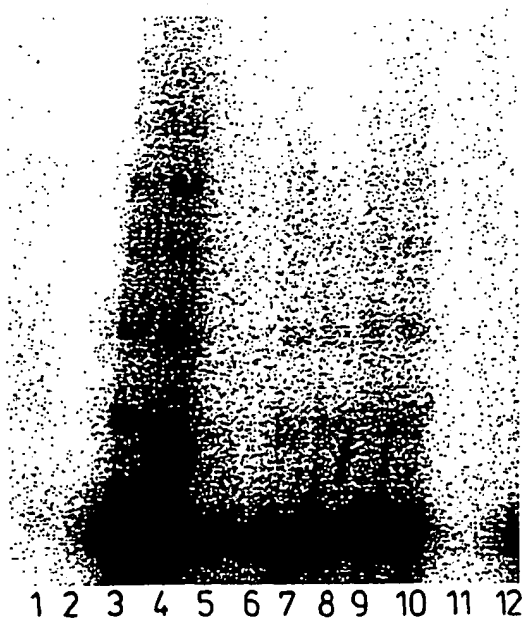


Abb. B



- 15 / 15 -

Fig. 17**Fig. 19****Fig. 18**

PCT

WELTORGANISATION FÜR GEISTIGES EIGENTUM
Internationales Büro



INTERNATIONALE ANMELDUNG VERÖFFENTLICHT NACH DEM VERTRAG ÜBER DIE
INTERNATIONALE ZUSAMMENARBEIT AUF DEM GEBIET DES PATENTWESENS (PCT)

(51) Internationale Patentklassifikation ⁶ : C12N 15/54, 9/12, A61K 38/45, C07K 16/40, C12Q 1/68, 1/48, C12N 15/11, A 61K 31/70		A3	(11) Internationale Veröffentlichungsnummer: WO 98/59040 (43) Internationales Veröffentlichungsdatum: 30. Dezember 1998 (30.12.98)
(21) Internationales Aktenzeichen: PCT/EP98/03468 (22) Internationales Anmeldedatum: 9. Juni 1998 (09.06.98) (30) Prioritätsdaten: 197 26 329.1 20. Juni 1997 (20.06.97) DE 198 13 274.3 26. März 1998 (26.03.98) DE 198 16 496.3 14. April 1998 (14.04.98) DE (71) Anmelder (für alle Bestimmungsstaaten ausser US): BAYER AKTIENGESELLSCHAFT [DE/DE]; D-51368 Leverkusen (DE). (72) Erfinder; und (75) Erfinder/Anmelder (nur für US): HAGEN, Gustav [DE/DE]; Walter-Flex-Strasse 32, D-51373 Leverkusen (DE). SIEG- MUND, Hans-Ulrich [DE/DE]; Quettinger Strasse 167, D-51381 Leverkusen (DE). WEICHEL, Walter [DE/DE]; Dhünner Aue 15, D-51519 Odenthal (DE). WICK, Maresa [DE/DE]; Andreas-Gryphius-Strasse 26, D-51065 Köln (DE). ZUBOV, Dmitry [RU/DE]; Roggendorfsstrasse 59, D-51061 Köln (DE). (74) Gemeinsamer Vertreter: BAYER AKTIENGE- SELLSCHAFT; D-51368 Leverkusen (DE).		(81) Bestimmungsstaaten: AL, AM, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BR, BY, CA, CH, CN, CU, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, GB, GE, GH, GM, GW, HU, ID, IL, IS, JP, KE, KG, KP, KR, KZ, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LV, MD, MG, MK, MN, MW, MX, NO, NZ, PL, PT, RO, RU, SD, SE, SG, SI, SK, SL, TJ, TM, TR, TT, UA, UG, US, UZ, VN, YU, ZW, ARIPO Patent (GH, GM, KE, LS, MW, SD, SZ, UG, ZW), eurasisches Patent (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), europäisches Patent (AT, BE, CH, CY, DE, DK, ES, FI, FR, GB, GR, IE, IT, LU, MC, NL, PT, SE), OAPI Patent (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, ML, MR, NE, SN, TD, TG). Veröffentlicht Mit internationalem Recherchenbericht. (88) Veröffentlichungsdatum des internationalen Recherchen- berichts: 22. Juli 1999 (22.07.99)	
(54) Title: HUMAN CATALYTIC TELOMERASE SUB-UNIT AND ITS DIAGNOSTIC AND THERAPEUTIC USE (54) Bezeichnung: HUMANE KATALYTISCHE TELOMERASE-UNTEREINHEIT UND DEREN DIAGNOSTISCHE UND THERA- PEUTISCHE VERWENDUNG NPRAPICRAV RLLARSHYRE VLPLATPVER LQPOQWELVO RGDPAAPRAL 50 VAQCLVCVPM DAPPPAAPS PROVCCLKEE VARVLALICE RQAKRVLAPO 100 FALLDQARGO PPEAFITSVR SYLPMVTQDA LAGQAGALL LRRVODDVLV 150 ELLARCALPV LVAPSCAYOV CQPLTYQLGA ATQARPPFPA GQPRARLOCE 200 EAMHUSVREA OVPLQLPAPQ AKKQDQDASR SLPLPQFPER GAAPPERITP 250 VOQGSWAKPO RTQPSDQDF CVVSTAPPAE KATELEGALS OTAKSHDPEVO 300 EQHAGPPST SRPPPMOTY CQPVYARTEN PLYSODKEQ LKPSPLLSUL 350 EPSLTGAREL VETIFLGRSP NQDQTPREL PQLPRTWQER PLFLKLORE 400 AQCPYOVLLK THCPLEAVT PAAGVCAREE PQGSVAAPSE EDTDPRILVO 450 LLRQNSDPMQ VQFVRACLE SLVPPQMGES RQERAPLRE THCPISLORE 500 AKLSQELTW IQSVRDCML RRPQVQCVF AABRLREI LAKPLQMLG 550 VTVVLLASP PTVITITQK RLFFPYREKV WKLQSIGIR QHLKRVOLRS 600 LSEARVQRK EAPFALLTER LRFIFKPDGL RPIVQDITV GARTFRERK 650 AERLTVRKA LPSVLAFTSA RQPLLGASV LQLEDHERAN KTFVLEVRQ 700 DPPPELYPVK VQVGLADTI PQDELTEVIA SIIEQDNTYC VRYAVVQEA 750 ARSHVRKPK SHVSTLIDQ PYHGFVAHL QTHFLRDAV VIKQSSSLNE 800 ASSGLFQVPL RQMSHARV RQKSTVQCOG IPQSLSTL LCHLCYQDGE 850 WKLPAQTRRD QLLALADDF LVTTHLTHA KYFLRTVRS VQRYQCVML 900 KTFVVPFVS DEALQOTAFV QPABKLFPW QHLLRTKTL RQSDYSSEA 950 RTSIRASLTP NQPGQAGRM RQKLPQVLEL KQSLPLDLO VHLQTVCTH 1000 ITKILLQAY RPAQCVLQLF PQGQWQSTY FLKRVISDTA SLCTSLKAK 1050 WAGNSLQAG AQGLPSEAV QWLCHOAVLL KUTRQVTVV PLLGLATAQ 1100 TQLRKL POT TLTALEAAAH PALSDPKYI LD 1132			
(57) Abstract The invention relates to the nucleotide sequence and the protein sequence derived therefrom, which encodes for the human catalytic telomerase sub-unit. The invention furthermore relates to methods involving a pharmaceutical, diagnostic or therapeutic use of this gene/protein, principally for treating cancer and ageing. (57) Zusammenfassung Diese Erfindung betrifft die Nukleotidsequenz und die davon abgeleitete Proteinsequenz, die für die humane katalytische Telomerase-Untereinheit codiert. Darüberhinaus betrifft diese Erfindung Methoden, die eine pharmazeutische, diagnostische oder therapeutische Verwendung von diesem Gen/Protein beinhaltet, vor allem in der Behandlung von Krebs und Alterung.			

LEDIGLICH ZUR INFORMATION

Codes zur Identifizierung von PCT-Vertragsstaaten auf den Kopfbögen der Schriften, die internationale Anmeldungen gemäss dem PCT veröffentlichen.

AL	Albanien	ES	Spanien	LS	Lesotho	SI	Slowenien
AM	Armenien	FI	Finnland	LT	Litauen	SK	Slowakei
AT	Österreich	FR	Frankreich	LU	Luxemburg	SN	Senegal
AU	Australien	GA	Gabun	LV	Lettland	SZ	Swasiland
AZ	Aserbaidtschan	GB	Vereinigtes Königreich	MC	Monaco	TD	Tschad
BA	Bosnien-Herzegowina	GE	Georgien	MD	Republik Moldau	TG	Togo
BB	Barbados	GH	Ghana	MG	Madagaskar	TJ	Tadschikistan
BE	Belgien	GN	Guinea	MK	Die ehemalige jugoslawische Republik Mazedonien	TM	Turkmenistan
BF	Burkina Faso	GR	Griechenland	ML	Mali	TR	Türkei
BG	Bulgarien	HU	Ungarn	MN	Mongolei	TT	Trinidad und Tobago
BJ	Benin	IE	Irland	MR	Mauretanien	UA	Ukraine
BR	Brasilien	IL	Israel	MW	Malawi	UG	Uganda
BY	Belarus	IS	Island	MX	Mexiko	US	Vereinigte Staaten von Amerika
CA	Kanada	IT	Italien	NE	Niger	UZ	Usbekistan
CF	Zentralafrikanische Republik	JP	Japan	NL	Niederlande	VN	Vietnam
CG	Kongo	KE	Kenia	NO	Norwegen	YU	Jugoslawien
CH	Schweiz	KG	Kirgisistan	NZ	Neuseeland	ZW	Zimbabwe
CI	Côte d'Ivoire	KP	Demokratische Volksrepublik Korea	PL	Polen		
CM	Kamerun	KR	Republik Korea	PT	Portugal		
CN	China	KZ	Kasachstan	RO	Rumänien		
CU	Kuba	LC	St. Lucia	RU	Russische Föderation		
CZ	Tschechische Republik	LI	Liechtenstein	SD	Sudan		
DE	Deutschland	LK	Sri Lanka	SE	Schweden		
DK	Dänemark	LR	Liberta	SG	Singapur		
EE	Estland						

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 98/03468

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER IPC 6 C12N15/54 C12N9/12 A61K38/45 C07K16/40 C12Q1/68 C12Q1/48 C12N15/11 A61K31/70		
According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC		
B. FIELDS SEARCHED Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols) IPC 6 C12N C12Q C07K A61K		
Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched		
Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practical, search terms used)		
C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
X	WO 96 01835 A (ANDREWS WILLIAM H ;VILLEPONTEAU BRYANT (US); FUNK WALTER (US); FEN) 25 January 1996 see page 9, line 31 - page 10, line 34 see page 55, line 22 - page 59, line 3 see claims ---	1,3, 10-13
A	WO 96 19580 A (COLD SPRING HARBOR LAB ;GREIDER CAROL (US); COLLINS KATHLEEN (US);) 27 June 1996 see examples 8-10 ---	1-13
A	WO 96 40868 A (COLD SPRING HARBOR LAB ;GREIDER CAROL (US); AUTEXIER CHANTAL (US)) 19 December 1996 see page 8, line 15 - page 9, line 27 see example 1 --- <div style="text-align: right;">-/--</div>	1
<div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <input checked="" type="checkbox"/> Further documents are listed in the continuation of box C. <input checked="" type="checkbox"/> Patent family members are listed in annex. </div>		
* Special categories of cited documents : <div style="display: flex; justify-content: space-between;"> <div style="width: 45%;"> <p>"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance</p> <p>"E" earlier document but published on or after the international filing date</p> <p>"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)</p> <p>"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means</p> <p>"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed</p> </div> <div style="width: 45%;"> <p>"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention</p> <p>"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone</p> <p>"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art.</p> <p>"A" document member of the same patent family</p> </div> </div>		
Date of the actual completion of the international search <div style="text-align: center;">7 December 1998</div>		Date of mailing of the international search report <div style="text-align: center;">22/12/1998</div>
Name and mailing address of the ISA European Patent Office, P.B. 5818 Patentlaan 2 NL - 2280 HV Rijswijk Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl, Fax: (+31-70) 340-3018		Authorized officer <div style="text-align: center;">Andres, S</div>

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International Application No
PCT/EP 98/03468

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT		
Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	GREIDER C W: "TELOMERE LENGTH REGULATION" ANNUAL REVIEW OF BIOCHEMISTRY, vol. 65, 1996, pages 337-365, XP002056801 ---	
P,X	WO 98 14593 A (ANDREWS WILLIAM H ;CECH THOMAS R (US); MORIN GREGG B (US); NAKAMUR) 9 April 1998 see SEQ IDs 1,2,117,119,140 and 613 see page 27, line 30 - page 52, line 14 see page 72, line 14 - page 79, line 8 see page 91, line 5 - page 105, line 7 see page 114, line 1 - page 158, line 16 see examples ---	1-13
P,X	WO 98 21343 A (AMGEN CANADA INC ;AMGEN INC (US)) 22 May 1998 see figure 9 see page 68, line 32 - page 95, line 5 see claims ---	1-13
P,X	NAKAMURA T M ET AL: "TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT HOMOLOGS FROM FISSION YEAST AND HUMAN" SCIENCE, vol. 277, 15 August 1997, pages 955-959, XP002056803 see the whole document ---	1-4,7, 10-13
P,X	MEYERSON M ET AL: "HEST2, THE PUTATIVE HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT GENE, IS UP-REGULATED IN TUMOR CELLS AND DURING IMMORTALIZATION" CELL, vol. 90, no. 4, 22 August 1997, pages 785-795, XP002056804 see the whole document ---	1-4,7, 10-13
P,X	KILIAN, A. ET AL.: "Isolation of a candidate human telomerase catalytic subunit gene, which reveals complex splicing patterns in different cell types." HUMAN MOLECULAR GENETICS., vol. 6, 12 November 1997, pages 2011-2019, XP002086926 OXFORD GB see the whole document ---	1-4,7,10
P,X	WO 98 01543 A (TULARIK INC) 15 January 1998 see the whole document ---	1,3,10, 13
	-/--	

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

Int'l. Application No.

PCT/EP 98/03468

C.(Continuation) DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category *	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
E	WO 98 37181 A (COUNTER CHRISTOPHER M ;WEINBERG ROBERT A (US); WHITEHEAD BIOMEDICA) 27 August 1998 see page 37, line 22 - page 58, line 16 see figure 2 -----	1-13

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

information on patent family members

International Application No

PCT/EP 98/03468

Patent document cited in search report	Publication date	Patent family member(s)	Publication date
WO 9601835 A	25-01-1996	US 5583016 A	10-12-1996
		US 5776679 A	07-07-1998
		AU 696702 B	17-09-1998
		AU 2964795 A	09-02-1996
		AU 3095095 A	09-02-1996
		BG 101103 A	31-10-1997
		BR 9508254 A	23-12-1997
		CA 2194393 A	25-01-1996
		CN 1158617 A	03-09-1997
		CN 1168696 A	24-12-1997
		CZ 9700034 A	15-10-1997
		EP 0778842 A	18-06-1997
		EP 0793719 A	10-09-1997
		FI 970026 A	03-03-1997
		JP 10505488 T	02-06-1998
		JP 10507067 T	14-07-1998
		NO 970041 A	06-03-1997
		PL 318169 A	26-05-1997
		WO 9601614 A	25-01-1998
		US 5837857 A	17-11-1998
WO 9619580 A	27-06-1996	EP 0799315 A	08-10-1997
WO 9640868 A	19-12-1996	AU 6102296 A	30-12-1996
		CA 2221602 A	19-12-1996
		EP 0832190 A	01-04-1998
WO 9814593 A	09-04-1998	AU 4803697 A	24-04-1998
		AU 4807397 A	24-04-1998
		DE 19743497 A	20-08-1998
		DE 841396 T	24-09-1998
		EP 0841396 A	13-05-1998
		FR 2757177 A	19-06-1998
		GB 2317891 A, B	08-04-1998
		GB 2321642 A	05-08-1998
		JP 10234384 A	08-09-1998
		WO 9814592 A	09-04-1998
WO 9821343 A	22-05-1998	AU 5264498 A	03-06-1998
WO 9801543 A	15-01-1998	US 5747317 A	05-05-1998
		AU 3882997 A	02-02-1998
WO 9837181 A	27-08-1998	NONE	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03468

A. KLASIFIZIERUNG DES ANMELDUNGSGEGENSTANDES

IPK 6 C12N15/54 C12N9/12 A61K38/45 C07K16/40 C12Q1/68
C12Q1/48 C12N15/11 A61K31/70

Nach der internationalen Patentklassifikation (IPK) oder nach der nationalen Klassifikation und der IPK

B. RECHERCHIERTE GEBIETE

Recherchierte Mindestprüfstoff (Klassifikationssystem und Klassifikationssymbole)

IPK 6 C12N C12Q C07K A61K

Recherchierte aber nicht zum Mindestprüfstoff gehörende Veröffentlichungen, soweit diese unter die recherchierten Gebiete fallen

Während der internationalen Recherche konsultierte elektronische Datenbank (Name der Datenbank und evtl. verwendete Suchbegriffe)

C. ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
X	WO 96 01835 A (ANDREWS WILLIAM H ;VILLEPONTEAU BRYANT (US); FUNK WALTER (US); FEN) 25. Januar 1996 siehe Seite 9, Zeile 31 - Seite 10, Zeile 34 siehe Seite 55, Zeile 22 - Seite 59, Zeile 3 siehe Ansprüche	1, 3, 10-13
A	WO 96 19580 A (COLD SPRING HARBOR LAB ;GREIDER CAROL (US); COLLINS KATHLEEN (US);) 27. Juni 1996 siehe Beispiele 8-10	1-13

-/--

☒ Weitere Veröffentlichungen sind der Fortsetzung von Feld C zu entnehmen

☒ Siehe Anhang Patentfamilie

* Besondere Kategorien von angegebenen Veröffentlichungen :

"A" Veröffentlichung, die den allgemeinen Stand der Technik definiert, aber nicht als besonders bedeutsam anzusehen ist

"E" älteres Dokument, das jedoch erst am oder nach dem internationalen Anmeldedatum veröffentlicht worden ist

"L" Veröffentlichung, die geeignet ist, einen Prioritätsanspruch zweifelhaft erscheinen zu lassen, oder durch die das Veröffentlichungsdatum einer anderen im Recherchenbericht genannten Veröffentlichung belegt werden soll oder die aus einem anderen besonderen Grund angegeben ist (wie ausgeführt)

"O" Veröffentlichung, die sich auf eine mündliche Offenbarung, eine Benutzung, eine Ausstellung oder andere Maßnahmen bezieht

"P" Veröffentlichung, die vor dem internationalen Anmeldedatum, aber nach dem beanspruchten Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist

"T" Spätere Veröffentlichung, die nach dem internationalen Anmeldedatum oder dem Prioritätsdatum veröffentlicht worden ist und mit der Anmeldung nicht kollidiert, sondern nur zum Verständnis des der Erfindung zugrundeliegenden Prinzips oder der ihr zugrundeliegenden Theorie angegeben ist

"X" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann allein aufgrund dieser Veröffentlichung nicht als neu oder auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden

"Y" Veröffentlichung von besonderer Bedeutung; die beanspruchte Erfindung kann nicht als auf erfinderischer Tätigkeit beruhend betrachtet werden, wenn die Veröffentlichung mit einer oder mehreren anderen Veröffentlichungen dieser Kategorie in Verbindung gebracht wird und diese Verbindung für einen Fachmann naheliegend ist

"Z" Veröffentlichung, die Mitglied derselben Patentfamilie ist

Datum des Abschlusses der internationalen Recherche

7. Dezember 1998

Absenddatum des internationalen Recherchenberichts

22/12/1998

Name und Postanschrift der internationalen Recherchenbehörde

Europäisches Patentamt, P.B. 5818 Patentlaan 2
NL - 2280 HV Rijswijk
Tel. (+31-70) 340-2040, Tx. 31 651 epo nl,
Fax: (+31-70) 340-3018

Bevollmächtigter Bediensteter

Andres, S

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03468

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN		
Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
A	WO 96 40868 A (COLD SPRING HARBOR LAB ;GREIDER CAROL (US); AUTEXIER CHANTAL (US)) 19. Dezember 1996 siehe Seite 8, Zeile 15 - Seite 9, Zeile 27 siehe Beispiel 1 ---	1
A	GREIDER C W: "TELOMERE LENGTH REGULATION" ANNUAL REVIEW OF BIOCHEMISTRY, Bd. 65, 1996, Seiten 337-365, XP002056801 ---	
P,X	WO 98 14593 A (ANDREWS WILLIAM H ;CECH THOMAS R (US); MORIN GREGG B (US); NAKAMUR) 9. April 1998 siehe SEQ IDs 1,2,117,119,140 und 613 siehe Seite 27, Zeile 30 - Seite 52, Zeile 14 siehe Seite 72, Zeile 14 - Seite 79, Zeile 8 siehe Seite 91, Zeile 5 - Seite 105, Zeile 7 siehe Seite 114, Zeile 1 - Seite 158, Zeile 16 siehe Beispiele ---	1-13
P,X	WO 98 21343 A (AMGEN CANADA INC ;AMGEN INC (US)) 22. Mai 1998 siehe Abbildung 9 siehe Seite 68, Zeile 32 - Seite 95, Zeile 5 siehe Ansprüche ---	1-13
P,X	NAKAMURA T M ET AL: "TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT HOMOLOGS FROM FISSION YEAST AND HUMAN" SCIENCE, Bd. 277, 15. August 1997, Seiten 955-959, XP002056803 siehe das ganze Dokument ---	1-4,7, 10-13
P,X	MEYERSON M ET AL: "HST2, THE PUTATIVE HUMAN TELOMERASE CATALYTIC SUBUNIT GENE, IS UP-REGULATED IN TUMOR CELLS AND DURING IMMORTALIZATION" CELL, Bd. 90, Nr. 4, 22. August 1997, Seiten 785-795, XP002056804 siehe das ganze Dokument ---	1-4,7, 10-13

	-/--	

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

In nationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03468

C.(Fortsetzung) ALS WESENTLICH ANGESEHENE UNTERLAGEN

Kategorie*	Bezeichnung der Veröffentlichung, soweit erforderlich unter Angabe der in Betracht kommenden Teile	Betr. Anspruch Nr.
P,X	KILIAN, A. ET AL.: "Isolation of a candidate human telomerase catalytic subunit gene, which reveals complex splicing patterns in different cell types." HUMAN MOLECULAR GENETICS., Bd. 6, 12. November 1997, Seiten 2011-2019, XP002086926 OXFORD GB siehe das ganze Dokument ---	1-4,7,10
P,X	WO 98 01543 A (TULARIK INC) 15. Januar 1998 siehe das ganze Dokument ---	1,3,10, 13
E	WO 98 37181 A (COUNTER CHRISTOPHER M ;WEINBERG ROBERT A (US); WHITEHEAD BIOMEDICA) 27. August 1998 siehe Seite 37, Zeile 22 - Seite 58, Zeile 16 siehe Abbildung 2 -----	1-13

INTERNATIONALER RECHERCHENBERICHT

Angaben zu Veröffentlichungen, die zur selben Patentfamilie gehören

Internationales Aktenzeichen

PCT/EP 98/03468

Im Recherchenbericht angeführtes Patentdokument	Datum der Veröffentlichung	Mitglied(er) der Patentfamilie	Datum der Veröffentlichung
WO 9601835 A	25-01-1996	US 5583016 A	10-12-1996
		US 5776679 A	07-07-1998
		AU 696702 B	17-09-1998
		AU 2964795 A	09-02-1996
		AU 3095095 A	09-02-1996
		BG 101103 A	31-10-1997
		BR 9508254 A	23-12-1997
		CA 2194393 A	25-01-1996
		CN 1158617 A	03-09-1997
		CN 1168696 A	24-12-1997
		CZ 9700034 A	15-10-1997
		EP 0778842 A	18-06-1997
		EP 0793719 A	10-09-1997
		FI 970026 A	03-03-1997
		JP 10505488 T	02-06-1998
		JP 10507067 T	14-07-1998
		NO 970041 A	06-03-1997
		PL 318169 A	26-05-1997
		WO 9601614 A	25-01-1998
		US 5837857 A	17-11-1998
WO 9619580 A	27-06-1996	EP 0799315 A	08-10-1997
WO 9640868 A	19-12-1996	AU 6102296 A	30-12-1996
		CA 2221602 A	19-12-1996
		EP 0832190 A	01-04-1998
WO 9814593 A	09-04-1998	AU 4803697 A	24-04-1998
		AU 4807397 A	24-04-1998
		DE 19743497 A	20-08-1998
		DE 841396 T	24-09-1998
		EP 0841396 A	13-05-1998
		FR 2757177 A	19-06-1998
		GB 2317891 A, B	08-04-1998
		GB 2321642 A	05-08-1998
		JP 10234384 A	08-09-1998
		WO 9814592 A	09-04-1998
WO 9821343 A	22-05-1998	AU 5264498 A	03-06-1998
WO 9801543 A	15-01-1998	US 5747317 A	05-05-1998
		AU 3882997 A	02-02-1998
WO 9837181 A	27-08-1998	KEINE	